



(10) 国際公開番号
WO 01/47554 A1

- 2文字コード及び他の略語については、定期発行される各PCTガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語のガイダンスノート」を参照。

酢酸、クエン酸、リン酸およびそれらの塩からなる群より選択される少なくとも1種の緩衝剤を含む緩衝液中に副甲状腺ホルモン関連ペプチドに対する抗体が溶解して、pHが5~8の溶液の形態にある、副甲状腺ホルモン関連ペプチドに対する抗体の安定化製剤。



WO 01/47554 A1

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

明 細 書

安定な抗体組成物及び注射製剤

5 技術分野

本発明は、副甲状腺ホルモン関連ペプチドに対する抗体の安定化製剤及び注射製剤に関する。

背景技術

- 10 副甲状腺ホルモン関連ペプチド (Parathyroid hormone related peptide、以下「PTHrP」という。) は、高カルシウム血症の主原因物質の腫瘍が産生する蛋白で、骨吸収・腎尿細管でのカルシウム再吸収を促進することにより腫瘍産生性の高カルシウム血症 (Humoral hypercalcemia of malignancy、以下「HHM」という。) を惹起する。現在、HHMの治療には、骨吸収抑制作用を有するカルシトニンやビスホスホネート製剤が用いられているが、HHMの進行は速く、
15 末期癌患者のQOL(Quality of Life)を著しく悪化させていることから、原因に則したより効果的な治療薬の開発が求められている。

- 副甲状腺ホルモン関連ペプチドに対する抗体 (以下「抗PTHrP抗体」と言う。) は、HHMに対して投与後すぐに効果が現れるため、効果発現までに日にちを
20 必要とするビスホスホネート製剤に比べても優れている。さらに、末期癌患者に見られる悪液質の治療薬剤としても有用である (特開平11-80025号)。

発明の開示

- 抗PTHrP抗体を疾病の治療薬として利用するにあたっては、抗PTHrP抗体の生物
25 活性を長期間保持できる安定な製剤として提供する必要がある。従って、本発明は、抗PTHrP抗体の安定化製剤を提供することを目的とする。

本発明者らは、抗PTHrP抗体溶液を調製し、抗PTHrP抗体の物理化学的性質に及ぼす水素イオン濃度 (pH) および緩衝液濃度の影響について確認を行い、抗PTHr

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

P抗体の安定化製剤を製造することに成功した。

すなわち、本発明は、酢酸、クエン酸、リン酸およびそれらの塩からなる群より選択される少なくとも1種の緩衝剤を含む緩衝液中に抗PTHrP抗体が溶解して、pHが5～8の溶液の形態にある、抗PTHrP抗体の安定化製剤を提供する。

- 5 また、本発明は、酢酸、クエン酸、リン酸およびそれらの塩からなる群より選択される少なくとも1種の緩衝剤を含む緩衝液中に抗PTHrP抗体が溶解して、pHが5～8の溶液の形態にある、安定化された抗PTHrP抗体溶液組成物を提供する。

- 10 詳しくは、抗体溶液組成物がバルク用の溶液組成物である上記の抗体溶液組成物を提供する。

さらに詳しくは、緩衝剤及び等張化剤以外に、実質的に他の安定化剤を含まない上記の抗体溶液組成物を提供する。

本明細書において、「緩衝液」とは、緩衝作用（すなわち、pHの変化をゆるめる作用）のある溶液をいう。「緩衝剤」とは、緩衝作用をもつ物質をいう。

- 15 製剤あるいは組成物中の緩衝剤の総濃度は、0.1～100 mmol/L、好ましくは、5～50 mmol/Lであるとよい。

製剤には、さらに、塩化ナトリウム、ブドウ糖などの等張化剤を、本質的にヒトの血液とおなじ浸透圧になるように添加してもよい。一般的には約250～350 mOsmの浸透圧が好ましい。

- 20 抗PTHrP抗体はモノクローナル抗体であるとよく、この抗体は、ヒト抗体、ヒト型化抗体またはキメラ抗体であることが好ましい。

さらに、本発明者らは、抗PTHrP抗体溶液を含む注射製剤を調製し、緩衝液の種類によって投与時の疼痛作用が異なることを確認し、抗PTHrP抗体を含み、疼痛の少ない注射製剤を製造することに成功した。

- 25 すなわち、本発明は、酢酸及び/又はその塩からなる緩衝剤を含む緩衝液中に抗PTHrP抗体が溶解してなる注射製剤を提供する。

詳しくは、pHが5～8の溶液の形態にある上記注射製剤を提供する。

さらに詳しくは、緩衝剤の総濃度が0.1～100 mmol/L、好ましくは5～50 mmol

/Lである上記注射製剤を提供する。

抗PTHrP抗体はモノクローナル抗体であるとよく、この抗体は、ヒト抗体、ヒト型化抗体またはキメラ抗体であることが好ましい。

以下、本発明を詳細に説明する。

5 1. 抗PTHrP抗体

本発明で使用する抗PTHrP抗体は、所望の薬理効果を有するものであれば、その由来、種類（モノクローナル、ポリクローナル）および形状を問うものではない。

本発明で使用する抗PTHrP抗体は、公知の手段を用いてポリクローナルまたはモノクローナル抗体として得ることができる。本発明で使用する抗PTHrP抗体として、特に哺乳動物由来のモノクローナル抗体が好ましい。哺乳動物由来のモノクローナル抗体は、ハイブリドーマに産生されるもの、および遺伝子工学的手法により抗体遺伝子を含む発現ベクターで形質転換した宿主に産生されるものを含む。この抗体はPTHrPと結合することにより、PTHrPがPTH/PTHrP受容体に結合するのを阻害してPTHrPのシグナル伝達を遮断し、PTHrPの生物学的活性を阻害する抗体である。

このような抗体としては、ハイブリドーマクローン#23-57-137-1により産生される#23-57-137-1抗体が挙げられる。

なお、ハイブリドーマクローン#23-57-137-1は、mouse-mouse hybridoma #23-57-137-1として、工業技術院生命工学工業技術研究所（茨城県つくば市東1丁目1番3号）に、平成8年8月15日付で、FERM BP-5631としてブダペスト条約に基づき国際寄託されている。

2. 抗体産生ハイブリドーマ

モノクローナル抗体産生ハイブリドーマは、以下のようにして作製できる。すなわち、PTHrPを感作抗原として使用して、これを通常の免疫方法にしたがって免疫し、得られる免疫細胞を通常の細胞融合法によって公知の親細胞と融合させ、通常のスクリーニング法により、モノクローナルな抗体産生細胞をスクリーニングすることによって作製できる。

まず、抗体取得の感作抗原として使用されるヒトPTHrPを、Suva, L. J. et al., Science (1987) 237, 893に開示されたPTHrP遺伝子／アミノ酸配列を発現することによって得る。すなわち、PTHrPをコードする遺伝子配列を公知の発現ベクター系に挿入して適当な宿主細胞を形質転換させた後、その宿主細胞中または培養上清中から目的のPTHrPタンパク質を公知の方法で精製する。

次に、この精製PTHrPタンパク質を感作抗原として用いる。あるいは、PTHrPのN末端の34個のペプチドについて、化学合成により作製することもでき、これを感作抗原として使用することもできる。

感作抗原で免疫される哺乳動物としては、特に限定されるものではないが、細胞融合に使用する親細胞との適合性を考慮して選択するのが好ましく、一般的にはげっ歯類の動物、例えば、マウス、ラット、ハムスター、あるいはウサギ、サル等が使用される。

感作抗原を動物に免疫するには、公知の方法にしたがって行われる。例えば、一般的方法として、感作抗原を哺乳動物の腹腔内または皮下に注射することにより行われる。具体的には、感作抗原をPBS (Phosphate-Buffered Saline) や生理食塩水等で適当量に希釈、懸濁したものを所望により通常のアジュバント、例えばフロイント完全アジュバントを適量混合し、乳化後、哺乳動物に4-21日毎に数回投与する。また、感作抗原免疫時に適当な担体を使用することもできる。

このように免疫し、血清中に所望の抗体レベルが上昇するのを確認した後に、哺乳動物から免疫細胞を採取し、細胞融合に付されるが、好ましい免疫細胞としては、特に脾細胞が挙げられる。

前記免疫細胞と融合される他方の親細胞として、哺乳動物のミエローマ細胞を用いる。このミエローマ細胞は、公知の種々の細胞株、例えば、P3 (P3x63Ag8.653) (J. Immunol. (1979) 123, 1548-1550)、P3x63Ag8U.1 (Current Topics in Microbiology and Immunology (1978) 81, 1-7)、NS-1 (Kohler, G. and Milstein, C. Eur. J. Immunol. (1976) 6, 511-519)、MPC-11 (Margulies, D. H. et al., Cell (1976) 8, 405-415)、SP2/0 (Shulman, M. et al., Nature (1978) 276, 269-270)、FO (de St. Groth, S. F. et al., J. Immunol.

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

Methods (1980) 35, 1-21)、S194 (Trowbridge, I. S. J. Exp. Med. (1978) 148, 313-323)、R210 (Galfre, G. et al., Nature (1979) 277, 131-133) 等
が好適に使用される。

前記免疫細胞とミエローマ細胞との細胞融合は、基本的には公知の方法、たと
5 えば、ミルステインらの方法 (Kohler, G. and Milstein, C., Methods Enzymo
l. (1981) 73, 3-46) 等に準じて行うことができる。

より具体的には、前記細胞融合は、例えば細胞融合促進剤の存在下に通常の栄
養培養液中で実施される。融合促進剤としては、例えばポリエチレングリコール
(PEG)、センダイウィルス (HVJ) 等が使用され、更に所望により融合効率を高
10 めるためにジメチルスルホキシド等の補助剤を添加使用することもできる。

免疫細胞とミエローマ細胞との使用割合は任意に設定することができる。例え
ば、ミエローマ細胞に対して免疫細胞を1-10倍とするのが好ましい。前記細胞融
合に用いる培養液としては、例えば、前記ミエローマ細胞株の増殖に好適なRPMI
1640培養液、MEM培養液、その他、この種の細胞培養に用いられる通常の培養液
15 が使用可能であり、さらに、牛胎児血清 (FCS) 等の血清補液を併用することも
できる。

細胞融合は、前記免疫細胞とミエローマ細胞との所定量を前記培養液中でよく
混合し、予め37℃程度に加温したPEG溶液 (例えば平均分子量1000-6000程度) を
通常30-60% (w/v) の濃度で添加し、混合することによって目的とする融合細胞
20 (ハイブリドーマ) を形成する。続いて、適当な培養液を逐次添加し、遠心して
上清を除去する操作を繰り返すことによりハイブリドーマの生育に好ましくない
細胞融合剤等を除去する。

このようにして得られたハイブリドーマは、通常を選択培養液、例えばHAT培
養液 (ヒポキサンチン、アミノプテリンおよびチミジンを含む培養液) で培養す
25 ることにより選択される。上記HAT培養液での培養は、目的とするハイブリド
ーマ以外の細胞 (非融合細胞) が死滅するのに十分な時間 (通常、数日～数週間)
継続する。ついで、通常の限界希釈法を実施し、目的とする抗体を産生するハイ
ブリドーマのスクリーニングおよび単一クローニングを行う。

また、ヒト以外の動物に抗原を免疫して上記ハイブリドーマを得る他に、ヒトリンパ球をin vitroでPTHrPに感作し、感作リンパ球をヒト由来の永久分裂能を有するミエローマ細胞と融合させ、PTHrPへの結合活性を有する所望のヒト抗体を得ることもできる（特公平1-59878号公報参照）。さらに、ヒト抗体遺伝子の
5 全てのレパートリーを有するトランスジェニック動物に抗原となるPTHrPを投与して抗PTHrP抗体産生細胞を取得し、これを不死化させた細胞からPTHrPに対するヒト抗体を取得してもよい（国際公開番号W0 94/25585 号公報、W0 93/12227 号公報、W0 92/03918 号公報、W0 94/02602 号公報参照）。

このようにして作製されるモノクローナル抗体を産生するハイブリドーマは、
10 通常の培養液中で継代培養することが可能であり、また、液体窒素中で長期保存することが可能である。

当該ハイブリドーマからモノクローナル抗体を取得するには、当該ハイブリドーマを通常の方法にしたがい培養し、その培養上清として得る方法、あるいはハイブリドーマをこれと適合性がある哺乳動物に投与して増殖させ、その腹水として得る方法などが採用される。前者の方法は、高純度の抗体を得るのに適しており、一方、後者の方法は、抗体の大量生産に適している。

3. 組換え型抗体

本発明では、モノクローナル抗体として、抗体遺伝子をハイブリドーマからクローニングし、適当なベクターに組み込んで、これを宿主に導入し、遺伝子組換え技術を用いて産生させた組換え型のものを用いることができる（例えば、Vand
20 amme, A. M. et al., Eur. J. Biochem. (1990) 192, 767-775, 1990参照）。

具体的には、抗PTHrP抗体を産生するハイブリドーマから、抗PTHrP抗体の可変（V）領域をコードするmRNAを単離する。mRNAの単離は、公知の方法、例えば、グアニジン超遠心法（Chirgwin, J. M. et al., Biochemistry (1979) 18, 52
25 94-5299）、AGPC法（Chomczynski, P. et al., Anal. Biochem. (1987) 162, 156-159）等により行って全RNAを調製し、mRNA Purification Kit（Pharmacia製）等を使用して目的のmRNAを調製する。また、QuickPrep mRNA Purification Kit（Pharmacia製）を用いることによりmRNAを直接調製することができる。

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

得られたmRNAから逆転写酵素を用いて抗体V領域のcDNAを合成する。cDNAの合成は、AMV Reverse Transcriptase First-strand cDNA Synthesis Kit（生化学工業社製）等を用いて行う。また、cDNAの合成および増幅を行うには、5'-AmpliFINDER RACE Kit（Clontech製）およびPCRを用いた5'-RACE法（Frohman, M. A. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1988) 85, 8998-9002、Belyavsky, A. et al., Nucleic Acids Res. (1989) 17, 2919-2932）等を使用することができる。

得られたPCR産物から目的とするDNA断片を精製し、ベクターDNAと連結する。さらに、これより組換えベクターを作製し、大腸菌等に導入してコロニーを選択して所望の組換えベクターを調製する。そして、目的とするDNAの塩基配列を公知の方法、例えば、ジデオキシヌクレオチドチェインターミネーション法により確認する。

目的とする抗PTHrP抗体のV領域をコードするDNAを得たのち、これを、所望の抗体定常領域（C領域）をコードするDNAを含有する発現ベクターへ組み込む。

本発明で使用される抗PTHrP抗体を製造するには、抗体遺伝子を発現制御領域、例えば、エンハンサー、プロモーターの制御のもとで発現するよう発現ベクターに組み込む。次に、この発現ベクターにより、宿主細胞を形質転換し、抗体を発現させる。

抗体遺伝子の発現は、抗体重鎖（H鎖）または軽鎖（L鎖）をコードするDNAを別々に発現ベクターに組み込んで宿主細胞を同時形質転換させてもよいし、あるいはH鎖およびL鎖をコードするDNAを単一の発現ベクターに組み込んで宿主細胞を形質転換させてもよい（WO 94/11523 号公報参照）。

また、組換え型抗体の産生には上記宿主細胞だけではなく、トランスジェニック動物を使用することができる。例えば、抗体遺伝子を、乳汁中に固有に産生される蛋白質（ヤギ β カゼインなど）をコードする遺伝子に挿入して融合遺伝子として調製する。抗体遺伝子が挿入された融合遺伝子を含むDNA断片をヤギの胚へ注入し、この胚を雌のヤギへ導入する。胚を受容したヤギから生まれるトランスジェニックヤギまたはその子孫が産生する乳汁から所望の抗体を得る。また、ト

ランスジェニックヤギから産生される所望の抗体を含む乳汁量を増加させるために、適宜ホルモンをトランスジェニックヤギに使用してもよい (Ebert, K. M. et al., Bio/Technology (1994) 12, 699-702)。

4. 改変抗体

- 5 本発明では、上記抗体のほかに、ヒトに対する異種抗原性を低下させること等を目的として人為的に改変した遺伝子組換え型抗体、例えば、キメラ抗体、ヒト型化 (Humanized) 抗体を使用できる。これらの改変抗体は、以下の方法を用いて製造することができる。

本発明に有用なキメラ抗体は、前記のようにして得た抗体V領域をコードするDNAをヒト抗体C領域をコードするDNAと連結し、これを発現ベクターに組み込んで宿主に導入し産生させることにより得ることができる。

ヒト型化抗体は、再構成 (reshaped) ヒト抗体とも称され、これは、ヒト以外の哺乳動物、例えばマウス抗体の相補性決定領域 (CDR; complementarity determining region) をヒト抗体の相補性決定領域へ移植したものであり、その一般的な遺伝子組換え手法も知られている (欧州特許出願公開番号EP 125023号公報、WO 96/02576 号公報参照)。

具体的には、マウス抗体のCDRとヒト抗体のフレームワーク領域 (framework region; FR) とを連結するように設計したDNA配列を、CDR及びFR両方の末端領域にオーバーラップする部分を有するように作製した数個のオリゴヌクレオチドをプライマーとして用いてPCR法により増幅する。得られたDNAをヒト抗体C領域をコードするDNAと連結し、次いで発現ベクターに組み込んで、これを宿主に導入し産生させることによりヒト型化抗体を得ることができる (EP 239400号公報、WO 96/02576 号公報参照)。

CDRを介して連結されるヒト抗体のフレームワーク領域は、相補性決定領域が良好な抗原結合部位を形成するものが選択される。必要に応じ、再構成ヒト抗体の相補性決定領域が適切な抗原結合部位を形成するように、抗体の可変領域におけるフレームワーク領域のアミノ酸を置換してもよい (Sato, K. et al., Cancer Res. (1993) 53, 851-856)。

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

キメラ抗体及びヒト型化抗体のC領域には、ヒト抗体のものが使用され、例えばH鎖では、C γ 1、C γ 2、C γ 3、C γ 4を、L鎖ではC κ 、C λ を使用することができる。また、抗体またはその産生の安定性を改善するために、ヒト抗体C領域を修飾してもよい。

5 キメラ抗体は、ヒト以外の哺乳動物由来抗体の可変領域とヒト抗体由来の定常領域とからなる。一方、ヒト型化抗体は、ヒト以外の哺乳動物由来抗体の相補性決定領域と、ヒト抗体由来のフレームワーク領域およびC領域とからなる。ヒト型化抗体はヒト体内における抗原性が低下されているため、本発明の薬剤の有効成分として有用である。

10 本発明に使用できるヒト型化抗体としてはヒト型化#23-57-137-1抗体が挙げられる。ヒト型化#23-57-137-1抗体は、マウス由来の#23-57-137-1抗体の相補性決定領域を、L鎖についてはヒト抗体HSU03868 (GEN-BANK, Deftos Mら, Scand. J. Immunol., 39, 95-103, 1994) 由来の3つのFR断片 (FR1、FR2およびFR3) 並びにヒト抗体S25755 (NBRF-PDB) 由来のFR断片 (FR4) に連結したものであり、
15 H鎖についてはヒト抗体S31679 (NBRF-PDB, Cuisinier AMら, Eur. J. Immunol., 23, 110-118, 1993) のフレームワーク領域と連結し、抗原結合活性を有するようにフレームワーク領域のアミノ酸残基を一部置換したものである。

なお、ヒト型化#23-57-137-1抗体のL鎖またはH鎖をコードするDNAを含むプラスミドを有する大腸菌は、工業技術院生命工学工業技術研究所（茨城県つくば
20 市東1丁目1番3号）に、平成8年8月15日付で、H鎖をコードするDNAを含むプラスミドを有する大腸菌であるEscherichia coli JM109 (hMBC1HcDNA/pUC19) についてはFERM BP-5629として、L鎖をコードするDNAを含むプラスミドを有する大腸菌であるEscherichia coli JM109 (hMBC1Lq λ /pUC19) についてはFERM BP-5630として、ブダペスト条約に基づきそれぞれ国際寄託されている。

25 5. 抗体修飾物

本発明で使用される抗体は、PTHrPに結合し、PTHrPの活性を阻害するかぎり、抗体の断片又はその修飾物であってよい。例えば、抗体の断片としては、Fab、F(ab')₂、Fv、またはH鎖若しくはL鎖のFvを適当なリンカーで連結させたシング

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

ルチェインFv (scFv) が挙げられる。具体的には、抗体を酵素、例えばパパイン、
ペプシンで処理し抗体断片を生成させるか、または、これら抗体断片をコードす
る遺伝子を構築し、これを発現ベクターに導入した後、適当な宿主細胞で発現さ
せる（例えば、Co, M. S. et al., J. Immunol. (1994) 152, 2968-2976, Bett
5 er, M. & Horwitz, A. H. Methods in Enzymology (1989) 178, 476-496, Aca
demic Press, Inc., Plueckthun, A. & Skerra, A. Methods in Enzymology
(1989) 178, 476-496, Academic Press, Inc., Lamoyi, E., Methods in Enz
ymology (1989) 121, 652-663, Rousseaux, J. et al., Methods in Enzymolo
gy (1989) 121, 663-669, Bird, R. E. et al., TIBTECH (1991) 9, 132-137
10 参照）。

scFvは、抗体のH鎖V領域とL鎖V領域とを連結することにより得られる。このsc
Fvにおいて、H鎖V領域とL鎖V領域は、リンカー、好ましくはペプチドリンカーを
介して連結される (Huston, J. S. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.
(1988) 85, 5879-5883)。scFvにおけるH鎖V領域およびL鎖V領域は、本明細書
15 に抗体として記載されたもののいずれの由来であってもよい。V領域を連結する
ペプチドリンカーとしては、例えばアミノ酸12-19残基からなる任意の一本鎖ペ
プチドが用いられる。

scFvをコードするDNAは、前記抗体のH鎖またはH鎖V領域をコードするDNA、お
よびL鎖またはL鎖V領域をコードするDNAのうち、それらの配列のうちの全部又は
20 所望のアミノ酸配列をコードするDNA部分を鋳型とし、その両端を規定するプ
ライマー対を用いてPCR法により増幅し、次いで、さらにペプチドリンカー部分を
コードするDNA、およびその両端が各々H鎖、L鎖と連結されるように規定するプ
ライマー対を組み合わせて増幅することにより得られる。

また、一旦scFvをコードするDNAが作製されると、それらを含む発現ベク
25 ター、および該発現ベクターにより形質転換された宿主を常法に従って得ること
ができ、また、その宿主を用いることにより、常法に従ってscFvを得ることがで
きる。

これら抗体の断片は、前記と同様にしてその遺伝子を取得し発現させ、宿主に

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

より産生させることができる。本発明における「抗体」にはこれらの抗体の断片も包含される。

抗体の修飾物として、ポリエチレングリコール (PEG) 等の各種分子と結合した抗PTHrP抗体を使用することもできる。本発明における「抗体」にはこれらの抗体修飾物も包含される。このような抗体修飾物は、得られた抗体に化学的な修飾を施すことによって得ることができる。なお、抗体の修飾方法はこの分野においてすでに確立されている。

6. 組換え型抗体または改変抗体の発現および産生

前記のように構築した抗体遺伝子は、公知の方法により発現させ、取得することができる。哺乳類細胞の場合、常用される有用なプロモーター、発現させる抗体遺伝子、その3'側下流にポリAシグナルを機能的に結合させて発現させることができる。例えばプロモーター／エンハンサーとしては、ヒトサイトメガロウィルス前期プロモーター／エンハンサー (human cytomegalovirus immediate early promoter/enhancer) を挙げることができる。

また、その他に本発明で使用される抗体発現に使用できるプロモーター／エンハンサーとして、レトロウィルス、ポリオーマウィルス、アデノウィルス、シミアンウィルス40 (SV 40) 等のウィルスプロモーター／エンハンサー、あるいはヒトエロンゲーションファクター1 α (HEF1 α) などの哺乳類細胞由来のプロモーター／エンハンサー等が挙げられる。

SV 40プロモーター／エンハンサーを使用する場合はMulliganらの方法 (Nature (1979) 277, 108) により、また、HEF1 α プロモーター／エンハンサーを使用する場合はMizushimaらの方法 (Nucleic Acids Res. (1990) 18, 5322) により、容易に遺伝子発現を行うことができる。

大腸菌の場合、常用される有用なプロモーター、抗体分泌のためのシグナル配列及び発現させる抗体遺伝子を機能的に結合させて当該遺伝子を発現させることができる。プロモーターとしては、例えばlacZプロモーター、araBプロモーターを挙げることができる。lacZプロモーターを使用する場合はWardらの方法 (Nature (1998) 341, 544-546 ; FASEB J. (1992) 6, 2422-2427) により、あるいはa

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

raBプロモーターを使用する場合はBetterらの方法 (Science (1988) 240, 1041-1043) により発現することができる。

抗体分泌のためのシグナル配列としては、大腸菌のペリプラズムに産生させる場合、pelBシグナル配列 (Lei, S. P. et al J. Bacteriol. (1987) 169, 437
5 9) を使用すればよい。そして、ペリプラズムに産生された抗体を分離した後、抗体の構造を適切に組み直して (refold) 使用する。

複製起源としては、SV 40、ポリオーマウィルス、アデノウィルス、ウシパピローマウィルス (BPV) 等の由来のものを用いることができ、さらに、宿主細胞系で遺伝子コピー数増幅のため、発現ベクターは、選択マーカーとしてアミノグリ
10 リコシドトランスフェラーゼ (APH) 遺伝子、チミジンキナーゼ (TK) 遺伝子、大腸菌キサンチングアニンホスホリボシルトランスフェラーゼ (Ecogpt) 遺伝子、ジヒドロ葉酸還元酵素 (dhfr) 遺伝子等を含むことができる。

本発明で使用される抗体の製造のために、任意の発現系、例えば真核細胞又は原核細胞系を使用することができる。真核細胞としては、例えば樹立された哺乳
15 類細胞系、昆虫細胞系、真糸状菌細胞および酵母細胞などの動物細胞等が挙げられ、原核細胞としては、例えば大腸菌細胞等の細菌細胞が挙げられる。

好ましくは、本発明で使用される抗体は、哺乳類細胞、例えばCHO、COS、ミエローマ、BHK、Vero、HeLa細胞中で発現される。

次に、形質転換された宿主細胞をin vitroまたはin vivoで培養して目的とする抗体を産生させる。宿主細胞の培養は公知の方法に従い行う。例えば、培養液
20 として、DMEM、MEM、RPMI1640、IMDMを使用することができ、牛胎児血清 (FCS) 等の血清補液を併用することもできる。

7. 抗体の分離、精製

前記のように発現、産生された抗体は、細胞、宿主動物から分離し均一にまで
25 精製することができる。本発明で使用される抗体の分離、精製はアフィニティークラムを用いて行うことができる。例えば、プロテインAカラムを用いたカラムとして、Hyper D、POROS、Sephrose F.F. (Pharmacia製) 等が挙げられる。その他、通常のタンパク質で使用されている分離、精製方法を使用すればよく、何

ら限定されるものではない。例えば、上記アフィニティーカラム以外のクロマトグラフィーカラム、フィルター、限外濾過、塩析、透析等を適宜選択、組み合わせることにより、抗体を分離、精製することができる (Antibodies A Laboratory Manual, Ed Harlow, David Lane, Cold Spring Harbor Laboratory, 1988)。

8. 抗体の活性の確認

本発明で使用する抗体の抗原結合活性 (Antibodies A Laboratory Manual, Ed Harlow, David Lane, Cold Spring Harbor Laboratory, 1988)、リガンドレセプター結合阻害活性 (Harada, A. et al., International Immunology (1993) 5, 681-690) の測定には公知の手段を使用することができる。

本発明で使用する抗PTHrP抗体の抗原結合活性を測定する方法として、BIACORE法 (表面プラズモン共鳴を利用する分析法)、ELISA (酵素結合免疫吸着検定法)、EIA (酵素免疫測定法)、RIA (放射免疫測定法) あるいは蛍光抗体法を用いることができる。例えば、酵素免疫測定法を用いる場合、PTHrP (1-34) をコーティングしたプレートに、抗PTHrP抗体を含む試料、例えば、抗PTHrP抗体産生細胞の培養上清や精製抗体を加える。アルカリフォスファターゼ等の酵素で標識した二次抗体を添加し、プレートをインキュベートし、洗浄した後、p-ニトロフェニル燐酸などの酵素基質を加えて吸光度を測定することで抗原結合活性を評価することができる。

本発明で使用する抗体の活性を確認するには、抗PTHrP抗体の中和活性を測定する。

9. バルク

「バルク」とは抗PTHrP抗体を含む組成物であり、前記の方法を用いて発現・産生された抗体を、細胞・宿主動物から分離・精製した抗PTHrP抗体組成物のことである。分離・精製されたバルクには、分離・精製時に用いた溶媒 (緩衝液など) が含まれる。更には、本発明で精製された抗PTHrP抗体溶液組成物に、等張化剤としてハロゲン化金属類等、具体的には、塩化ナトリウム、塩化カリウム、塩化カルシウム等、好ましくは、塩化ナトリウムを、本質的にヒトの血液とおな

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

じ浸透圧になるように添加する。一般的には約250～350 mOsmの浸透圧が好ましい。

さらに、酢酸、クエン酸、リン酸およびそれらの塩からなる群より選択される少なくとも1種の緩衝剤を、0.1～100 mmol/L、好ましくは、5～50 mmol/L程度
5 添加し、pHを5～8、好ましくは5.5～7.0、最も好ましくは、約6.0に調整し、バルク用抗体溶液組成物を調製する。

本バルク用抗体溶液組成物は、製剤として調製されるまでの間、溶液状態あるいは凍結状態、好ましくは凍結状態で保存する。

この組成物には、約1～100 mg/mLの抗体が含まれており、更には、凍結融解
10 の際に抗体の微粒子形成を減少し得るクライオプロテクタントあるいは凍結乾燥時のリオプロテクタントとなる界面活性剤（たとえば、ポリソルベート20、ポリソルベート80、Triton、ドデシル硫酸ナトリウム、ナトリウムオクチルグリコシド、ラウリル・リノレイル・ステアシル・スルホベタイン、ラウリル・ミリスチル・リノレイル・ステアシル・サルコシン、ミリスチル・リノレイル・セチル・ベタイン、ラウロアミドプロピル・コカミドプロピル・リノールアミド
15 プロピル・ミリスタミドプロピル・パルミドプロピル・イソステアラミドプロピル・ベタイン、ミリスタミドプロピル・パルミドプロピル・イソステアラミドプロピル・ジメチルアミン、ナトリウムメチルココイル・ニナトリウムメチルオレイル・タウレート、ポリエチレングリコール、ポリプロピレングリコール、
20 エチレングリコールやプロピレングリコールのコポリマー（Pluronicなど）や糖または糖アルコール（例えば、スクロース、トレハロース、グリセロール、アラビトール、キシリトール、ソルビトールおよびマンニトールなどのポリオールなど）、グルタミン酸やヒスチジンのようなアミノ酸等が含まれていてもよい。またこれらの濃度は、抗体濃度および調製する製剤の等張性に依存する。

25 本発明のバルク用抗体溶液組成物は、少なくとも2～8℃で2年間で安定であることが好ましい。

バルク用溶液組成物は、長期保存性や、輸送時の物理的ストレスに対して安定であることを要求されるのと同時に、ある実施形態において、この組成物を用い

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

て治療される患者に適した投与方法（例えば皮下投与）の製剤に調製するために、できるだけ安定化剤等の添加物を添加しないことが望ましい。

したがって、本発明のバルク用溶液組成物は、緩衝剤、ハロゲン化金属類等の等張化剤、界面活性剤、糖または糖アルコール以外の安定化剤を含んでいないことが好ましい。さらに本発明のバルク用溶液組成物は、緩衝剤、ハロゲン化金属類等の等張化剤、界面活性剤以外の安定化剤を含んでいないことが好ましい。最も好ましくは、本発明のバルク用溶液組成物は、緩衝剤、ハロゲン化金属類等の等張化剤以外の安定化剤を含んでいない組成物である。

10. 投与方法および製剤

10 抗PTHrP抗体は、PTHまたはPTHrPに起因する疾患（例えば、高カルシウム血症、高カルシウム血症クリーゼ、薬剤抵抗性高カルシウム血症、悪液質、低バゾプレシン濃度の症状など）の治療剤、PTHまたはPTHrPに起因する疾患による症状を緩和するためのQOL改善剤、PTHまたはPTHrPに起因する中枢神経系疾患の改善剤、PTHまたはPTHrP-サイトカインカスケードに起因する疾患の改善剤、中枢神経系
15 調節剤、サイトカインネットワーク調節剤などの有効成分として使用することができる。抗PTHrP抗体は、上記の用途のいずれか一つあるいは複数を目的として、投与することができる。

抗PTHrP抗体を有効成分として含有する薬剤は、経口、非経口投与のいずれでも可能であるが、好ましくは非経口投与であり、具体的には経肺剤型（例えばネ
20 フライザーなどの器具を用いた経肺投与剤）、経鼻投与剤型、経皮投与剤型（例えば軟膏、クリーム剤）、注射剤型等が挙げられる。注射剤型の例としては、例えば点滴等の静脈内注射、筋肉内注射、腹腔内注射、皮下注射等により全身又は局部的に投与することができる。

特に、注射製剤の場合は、緩衝剤として酢酸及び/又はその塩を使用することが好ましい。緩衝剤として酢酸及び/又はその塩を使用した場合には、注射製剤
25 投与時の疼痛が少ないものとなる。

また、患者の年齢、症状により適宜投与方法を選択することができる。有効投与量は、一回につき体重1kgあたり0.001mg から1000mgの範囲で選ばれる。ある

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

いは、患者あたり0.01~100000mg/body、好ましくは0.1~10000mg/body、さらに好ましくは0.5~1000mg/body、さらに好ましくは1~100mg/bodyの投与量を選ぶことができる。しかしながら、本発明の抗PTHrP抗体を含有する薬剤はこれらの投与量に制限されるものではない。

- 5 また、投与時期としては、疾患または症状が生ずる前後を問わず投与してもよく、あるいは体重減少が予測される時に投与してもよい。

本発明の抗PTHrP抗体を有効成分として含有する薬剤は、常法にしたがって製剤化することができ (Remington's Pharmaceutical Science, latest edition, Mark Publishing Company, Easton, 米国)、医薬的に許容される担体や添加物

- 10 を共に含むものであってもよい。

このような担体および医薬添加物の例として、水、医薬的に許容される有機溶剤、アミノ酸、コラーゲン、ポリビニルアルコール、ポリビニルピロリドン、カルボキシビニルポリマー、カルボキシメチルセルロースナトリウム、ポリアクリル酸ナトリウム、アルギン酸ナトリウム、水溶性デキストラン、カルボキシメチルスターチナトリウム、ペクチン、メチルセルロース、エチルセルロース、キサンタンガム、アラビアゴム、カゼイン、寒天、ポリエチレングリコール、ジグリセリン、グリセリン、プロピレングリコール、ワセリン、パラフィン、ステアリルアルコール、ステアリン酸、ヒト血清アルブミン (HSA)、マンニトール、ソルビトール、ラクトース、医薬添加物として許容される界面活性剤等が挙げられ

15 20 る。

- 実際の添加物は、本発明の薬剤の剤型に応じて上記の中から単独で又は適宜組み合わせで選ばれるが、これらに限定するものではない。例えば、注射用製剤として使用する場合、精製された抗PTHrP抗体を溶剤、例えば生理食塩水、緩衝液、ブドウ糖溶液等に溶解し、これに吸着防止剤、例えばポリソルベート80、ポリソ
- 25 ルベート 20、ゼラチン、ヒト血清アルブミン等を加えたものを使用することができる。あるいは、使用前に溶解再構成する剤形とするために凍結乾燥したものであってもよく、凍結乾燥のための賦形剤としては、例えば、マンニトール、ブドウ糖等の糖アルコールや糖類を使用することができる。

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

抗PTHrP抗体 of 安定化製剤を提供するためには、pHが5～8の範囲となるように、抗PTHrP抗体を緩衝液に溶解するとよい。緩衝液は、酸（好ましくは、酢酸、クエン酸、リン酸などの弱酸）とその塩（好ましくは、ナトリウム塩、カリウム塩などのアルカリ塩）の混合溶液であるとよい。製剤中の緩衝剤（例えば、
5 酸およびその塩）の総濃度は、0.1～100 mmol/L、好ましくは、5～50mmol/Lであり、より好ましくは、10～20mmol/Lである。酢酸緩衝液、クエン酸緩衝液、リン酸緩衝液などは一般的な方法で調製される（D. D. ペリン、B. デンプシー著、「緩衝液の選択と応用」講談社サイエンティフィック）。

抗PTHrP抗体 of 安定化製剤 of 処方 of 一例を以下に記載する。

10 抗PTHrP抗体	20～100 mg
緩衝液*	5～50 mmol/L
塩化ナトリウム	130～150 mmol/L
全量	1～5 mL (pH 5～8)

*：酢酸緩衝液、クエン酸緩衝液、リン酸緩衝液またはそれらの組み合わせ。

- 15 なお、本明細書は、本願 of 優先権 of 基礎である日本国特許出願11-375203号 of 明細書及び/又は図面に記載される内容を包含する。

図面 of 簡単な説明

- 図1は、種々のpH of 製剤について、加速試験を行った前後 of SDS-PAGEパターン
20 を示す電気泳動写真である。

図2は、種々の緩衝液濃度 of 製剤について、加速試験を行った前後 of SDS-PAGEパターンを示す示す電気泳動写真である。

発明を実施するための最良 of 形態

- 25 以下、参考例および実施例により本発明をさらに具体的に説明する。但し、本発明は、これら実施例等にその技術的範囲を限定するものではない。

〔実施例1〕 水素イオン濃度（pH） of 影響

実施例1および2で用いる抗PTHrP抗体は後述 of 参考例1～4で作製したヒト

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

型化抗体（以下、この抗体を「ヒト型化抗体」という。）である。また、実施例 1 および 2 において用いた分析法と分析条件は以下の通りである。

・ GPC-UV

5 移動相：300 mmol/L NaClを含有する50 mmol/Lリン酸緩衝液（pH 6.8）

流速：0.5 mL/min

カラム：G-3000SWXL

検出：280 nm

試料注入量：90 μ g（3 mg/mlを30 μ l注入）

10

・ BIACORE法（表面プラズモン共鳴を利用する分析法。ファルマシアバイオテク社のBIACOREを使用。）

1) 試薬

15 NHS（N-ヒドロキシコハク酸イミド）， EDC（N-エチル-N'（3-ジメチルアミノプロピル）-カルボジイミドヒドロクロリド）， Ethanolamine： アミンカップリングキット（ピアコア社）

PDEA（2-（2-ピリジニルジチオ）エタンアミンヒドロクロリド）： チオールカップリングキット（ピアコア社）、PTHrP（1-34+C）： 合成品（サワデー社）

2) センサーチップリガンド： 抗原PTHrPあるいは抗原Protein A

20 3) サンプル溶液の調製

i) 試料溶液を注射用蒸留水を用いて約100 μ g/mLに希釈し、280nmにおける吸光度法によって濃度を決定した。

ii) 未知試料サンプルの調製：吸光度法により決定した濃度を基準に、BIACORE測定時と同じHBS-EPバッファー（ピアコア社、Code #BR-1001-88）で希釈し、
25 20 μ g/mLの溶液を調製した。希釈に用いるHBS-EP バッファーはすべてBIACORE測定時と同じものを用いた。この溶液20 μ LとHBS-EP バッファー180 μ Lを混合し2 μ g/mLの溶液を未知試料サンプルとした。

iii) 検量線用サンプルの調製：基準となる試料の約100 μ g/mLの溶液を5点以

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

上の濃度に希釈した。

- ・イオン交換クロマトグラフィー（以下、IEC-UVと言う）

カラム：PolyCAT A 4.6×250 mm

5 流速：1.0 ml/min

検出波長：280 nm

注入量：約30 μg

溶出条件：Solvent A：50 mmol/L MES-NaOH (pH6.1)

Solvent B：50 mmol/L MES-NaOH (pH6.1) , 500 mmol/L NaCl

10

- ・SDS-PAGE（還元，非還元/CBB，WB）

サンプル：前処理溶液＝1:1で混和し、100℃-1min加温し、SDS-PAGE（Gradient Gel 10-15を使用）を実施した。試料アプライ量は、約1～2 mg/mlとなるように調製した。染色、脱色した。5 %グリセリンを含む脱色液に30分以上浸し、

15 乾燥した。

前処理溶液：5 % SDSを含む40mmol/L Tris-HCl (pH 8.0) 緩衝液（還元処理では10 % 2-mercaptoethanolを含む。）

染色：0.1%CBB (PhastGel Blue R)

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

分子量マーカー：SDS-PAGE Standards Broad Range (BIO-RAD/Cat.No. 161-03
17)

	Protein	Mol. Wt.
	Myosin, Rabbit Muscle	200, 000
5	Galactosidase, E. coli	116, 250
	Phosphorylase b, Rabbit Muscle	97, 400
	Albumin, Bovine Serum	66, 200
	Ovalbumin, Chicken Egg	45, 000
	Carbonic Anhydrase, Bovine Erythrocytes	31, 000
10	Trypsin Inhibitor, Soybean	21, 500
	Lysozyme , Chicken Egg	14, 400
	Aprotinin, Bovine Lung	6, 500

(1) リン酸緩衝液およびクエン酸緩衝液

15 以下の組成の製剤を調製して、加速試験を行った。

ヒト型化抗体 1mg/mL

クエン酸/クエン酸ナトリウム緩衝液 (pH 4~5.5) 100 mmol/Lまたはリン酸ナトリウム緩衝液 (pH 6~8) 100 mmol/L

20 加速試験の実験条件は、以下の通りである。製剤は、50℃-1週から1ヶ月で保たれ、その期間で安定性を測定する。一般的には、製剤を2~8℃で貯蔵する場合、少なくとも、25℃-6ヶ月、30℃-1ヶ月または40℃-1ヶ月で安定で、2~8℃-2年で安定であるべきである。また、製剤を25℃または30℃で貯蔵する場合、一般的には、少なくとも40℃-6ヶ月で安定で、25℃-2年または30℃-2年で安定であるべきである。

25 加速試験前後の製剤のGPC-UVによるヒト型化抗体残存率 [%]、BIACOREによるヒト型化抗体生物活性残存率 [%] およびIEC-UVによるヒト型化抗体メインピーク残存率 [%] を表1に示す。

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

表 1

水素イオン濃度 (pH) の影響

水素イオン濃度 (pH)			pH 4	pH 5	pH 5.5	pH 6	pH 6.5	pH 7	pH 8
緩衝液			クエン酸緩衝液	クエン酸緩衝液	クエン酸緩衝液	リン酸緩衝液	リン酸緩衝液	リン酸緩衝液	リン酸緩衝液
GPC-UV に よるヒト型 化抗体残存 率[%]	加速試験前		100	100	100	100	100	100	100
	50°C-1 週		0	90.1	98.3	99.3	97.1	86.2	87.2
BIACORE に よるヒト型 化抗体生物 活性残存率 [%]	加速試験前	PTHrP	-	100	-	100	-	100	100
	50°C-1 週	PTHrP	-	86.7	-	110.7	-	98.0	86.7
IEC-UV に よるヒト型 化抗体メイ ンピーク残 存率[%]	加速試験前		-	100	-	100	-	100	100
	25°C-3 ヶ月		-	59.5	-	65.9	-	54.6	53.3

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

(2) 酢酸緩衝液

以下の組成の製剤を調製して、加速試験を行った。

ヒト型化抗体 13 mg/mL

酢酸/酢酸ナトリウム緩衝液 20 mmol/L

5 塩化ナトリウム 150 mmol/L

加速試験前後の製剤の水素イオン濃度、 UV_{360nm} 、GPC-UVによるヒト型化抗体残存率 [%]、BIAcoreによるヒト型化抗体生物活性残存率 [%] およびIEC-UVによるヒト型化抗体メインピーク残存率 [%] を表 2 に示す。

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

表 2

水素イオン濃度 (pH) の影響

試料名			01L	02L	03L	04L	05L
水素イオン濃度 (pH)	加速試験前		4.94	5.40	6.01	6.52	6.92
	50°C-1 ヶ月		4.99	5.44	6.04	6.55	6.92
UV _{360 nm}	50°C-1 ヶ月		1.4458	0.1730	0.1038	0.0878	0.0821
GPC-UV による	加速試験前		100	100	100	100	100
ヒト型化抗体残 存率[%]	25°C-1 ヶ月		96.8	97.0	98.6	98.5	96.6
	25°C-3 ヶ月		93.7	97.7	97.3	101.8	100.6
	50°C-1 ヶ月		—	82.5	91.4	92.2	90.8
BIACORE による ヒト型化抗体生 物活性残存率 [%]	加速試験前	PTHrP	100	100	100	100	100
		Protein A	100	100	100	100	100
	50°C-1 ヶ月	PTHrP	—	78.1	90.0	90.4	90.6
		Protein A	—	79.1	94.0	95.1	94.8
IEC-UV による	加速試験前		100	100	100	100	100
ヒト型化抗体メ	25°C-1 ヶ月		103.4	85.6	100.9	96.6	107.5
インピーク残存 率[%]	25°C-3 ヶ月		84.9	71.6	95.3	102.1	118.0

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

また、加速試験前後のヒト型化抗体のSDS-PAGEパターンを図1に示す。図1の上段は還元条件下、下段は非還元条件下、左は加速試験前の製剤、中は50℃-1週の加速試験後の製剤、右は50℃-1ヶ月の加速試験後の製剤のレーンである。また、レーンは、左から、pH 5.0、5.5、6.0、6.5および7.0の製剤である。

- 5 UV_{360 nm}、GPC-UV、BIAcoreおよびIEC-UVの分析結果より、ヒト型化抗体は、pH 6～7で安定で、pH 6で最も安定であった。

SDS-PAGEの分析結果より、pH 7および6.5でH鎖の上のバンドが増加し、pH 5および5.5で低分子分解物の増加が認められたことにより、至適pHは6であると判断した。

10 〔実施例2〕 緩衝液濃度の影響

(1) 酢酸緩衝液

以下の組成の製剤を調製して、加速試験を行った。

ヒト型化抗体 6.5 mg/mL

酢酸/酢酸ナトリウム緩衝液 (pH 6) 10, 50, 100 mmol/L

- 15 塩化ナトリウム 150 mmol/L

加速試験前後の製剤の水素イオン濃度、UV_{360nm}、GPC-UVによるヒト型化抗体残存率[%]、BIAcoreによるヒト型化抗体生物活性残存率[%]を表3に示す。

酢酸緩衝液濃度の影響

25

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

(2) クエン酸緩衝液

以下の組成の製剤を調製して、加速試験を行った。

ヒト型化抗体 8 mg/mL

クエン酸/クエン酸ナトリウム緩衝液 (pH 6) 10, 50, 100 mmol/L

5 塩化ナトリウム 150 mmol/L

加速試験前後の製剤の水素イオン濃度、 UV_{360nm} 、GPC-UVによるヒト型化抗体残存率 [%]、BIACOREによるヒト型化抗体生物活性残存率 [%] を表 4 に示す。

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

表 4

クエン酸緩衝液濃度の影響

試料名			09L	10L	11L
緩衝液濃度[mmol/L]			10	50	100
水素イオン 濃度 (pH)	加速試験前		6.10	6.01	6.03
	50°C-1 ヶ月		6.12	6.03	6.04
UV _{360 nm}	50°C-1 ヶ月		0.0558	0.0597	0.0536
GPC-UV による ヒト型化 抗体残存率	加速試験前		100	100	100
	25°C-1 ヶ月		96.2	97.1	96.0
	25°C-3 ヶ月		97.0	95.9	96.9
	50°C-1 ヶ月		92.5	91.0	92.5
BIACORE による ヒト型 抗体生物 活性残存率	加速試験前	PTHrP	100	100	100
		Protein A	100	100	100
	50°C-1 ヶ月	PTHrP	90.3	88.4	89.7
		Protein A	93.6	90.0	92.1

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

また、加速試験前後のヒト型化抗体のSDS-PAGEパターンを図2に示す。図2の上段は還元条件下、下段は非還元条件下、左は加速試験前の製剤、中は50℃-1週の加速試験後の製剤、右は50℃-1ヶ月の加速試験後の製剤のレーンである。また、レーンは、左から、酢酸緩衝液10、50、100 mmol/L、クエン酸緩衝液10、50、100 mmol/Lの製剤である。

BIACOREの分析結果より、酢酸緩衝液およびクエン酸緩衝液ともに、10～50 mmol/Lで安定で、10 mmol/Lでより安定であった。

SDS-PAGEの分析結果より、酢酸よりクエン酸の方が、高濃度より低濃度の方が分解物が少なかった。

〔実施例3〕

実施例3では、注射製剤を調製し、当該注射製剤における疼痛緩和作用を検討した。なお、本実施例で用いる抗PTHrP抗体は後述の参考例1～4で作製したヒト型化抗体（以下、この抗体を「ヒト型化抗体」という。）である。

本例では、表5に示す10種類の注射製剤を調製した。

表5

注射製剤	緩衝液	pH	ヒト型化抗体
1	酢酸緩衝液 20mM	5	—
2	酢酸緩衝液 20mM	6	—
3	酢酸緩衝液 20mM	7	—
4	酢酸緩衝液 100mM	6	—
5	クエン酸緩衝液 20mM	5	—
6	クエン酸緩衝液 20mM	6	—
7	クエン酸緩衝液 20mM	7	—
8	クエン酸緩衝液 100mM	6	—
9	酢酸緩衝液 20mM	6	13.0mg/ml
10	クエン酸緩衝液 20mM	6	16.8mg/ml

なお、これら注射製剤は、準無菌的に調製し、冷蔵にて保存し、投与時にはシ

リングに分注し使用した。

使用動物および飼育環境

使用動物には生物学的特性がよく研究されており、均質な動物が多数入手でき
5 るほか、投与部位である後耳介静脈周囲皮下が投与および検査に適した大きさで
あり、また傷害部位の観察が肉眼的にも容易であることからウサギを選択した。
ニュージーランドホワイト種ウサギ (Kb1:NZW) の雄を北山ラベス株式会社より
購入（入荷時12週齢）し、7日間の馴化飼育を行った。動物の選択は馴化期間中
の一般状態および体重を考慮して行い、22匹の動物を使用した。投与時（投与時
10 13週齢）の体重は2.6～3.3 kgであった。

これらの動物は温度 24 ± 2 °C、湿度 55 ± 10 %、14時間照明（5:00～19:00点
灯）、換気回数14～16回／時に設定された動物室内で幅350 mm×奥行500 mm×高
さ350 mmのアルミニウム製吊りケージに個別収容した。飼料は固型飼料RC4（オ
リエントタル酵母工業㈱）をステンレススチール製給餌器にて不断給餌法で、また
15 飲料水として水道水を不断給水法で自動給水器を用いて、それぞれ自由に摂取さ
せた。個体識別は油性マーカーペンによる耳介（投与部位を避け、外側に記載）
への動物番号の記入により行い、ケージの識別はケージカードの添付により行っ
た。

なお、試験期間中の飼育室の環境、飼料および飲料水の分析において、試験系
20 に影響を及ぼす異常は認められなかった。

投与液の設定および群構成

表5に示した注射製剤の投与容量については既に実施された局所障害性試験
[須永昌男，下村和裕，小泉治子，ガドテリドールのウサギ静脈内および静脈周
25 囲皮下投与局所刺激性試験、Preclin. Rep. Cent. Inst. Exp. Anim. 1992;18(1):47-
57.]に準じて0.2 mL/(投与部位)とした。各注射製剤をそれぞれ2匹（耳介静脈周
囲皮下4カ所）に投与し、各群の一方を投与後2日、他方を投与後4日の剖検にあ
てた。

投与方法

注射製剤投与部位は耳介のほぼ中央部に位置する後耳介静脈で、小血管の分岐が少ない部分を選択した。投与はディスポーザブルのシリンジと針（27G）を用い、耳根部に向けて注射針を静脈に沿って皮下に刺入し、約3秒にてゆっくりと単回投与した。また、針の刺入部ならびに刺入した針の先端部（注入部）を特定できるように油性マーカーペンにて刺入部ならびに先端部の横に印を付けた。

投与部位の観察（肉眼所見）

- 10 投与直後から投与後2あるいは4日（投与日を0日として起算）まで毎日1回、投与部ならびにその周囲を観察し、観察された変化の大きさ（長径および短径）をノギス（JIS規格）を用いて測定し、その積（長径×短径）を面積とした。

病理組織学的検査（病理組織所見）

- 15 投与直後2あるいは4日における投与部位の観察が終了した後、麻酔量算出のための体重測定を行い、動物をペントバルビタールナトリウム麻酔下（ネンブタール：大日本製薬㈱）で腹大動脈より放血して安楽死させた。なお、麻酔薬の投与は耳根部の後耳介静脈にて実施し、投与部位の評価に影響を及ぼさないように配慮した。また、放血前に投与部位の写真撮影を実施した。
- 20 試験物質が投与された左右の耳介を耳根部より採取した後、20 %中性緩衝ホルマリン液で固定した。その後、左右耳介の試験物質の注入部を投与部位に接する血管を含むように血管の走行に対して垂直方向に切り出し、常法に従ってパラフィン包埋薄切組織標本を作製し、ヘマトキシリン・エオジン（HE）染色を施し光学顕微鏡下で病理組織学的検索を実施した。
- 25 病理組織学的検査による刺激性の判定は次の基準に基づいて行った。
- (1)出血は、投与手技の変化として刺激性の指標としない。
 - (2)投与部位の軽微な細胞密度の増加、空隙形成を指標とした組織の軽微な変化については、投与手技の変化として刺激性の指標としない。

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

(3)他の組織学的変化が軽微な場合に、表皮角化細胞の空胞形成と表皮の肥厚がみられた場合は刺激性の指標としない（これらの変化は組織学的影響が強い場合に発現すると考えられるこのことから、他の組織学的変化が軽微な場合に、表皮角化細胞の空胞形成と表皮の肥厚が見られた時は刺激性の指標としない）。

5 (4)炎症性細胞浸潤と水腫が軽度以上を刺激性の指標とする。

(5)表皮の肥厚は、炎症性細胞浸潤と水腫が軽度以上の場合に刺激性の指標とする。

そして、各検査結果について各群間の差あるいは経時的変化を生物学的に評価した。結果を表6に示す。

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

表 6

試験物質	投与後2日						投与後4日					
	右			左			右			左		
	肉眼 所見	病理組織 所見	刺激性	肉眼 所見	病理組織 所見	刺激性	肉眼 所見	病理組織 所見	刺激性	肉眼 所見	病理組織 所見	刺激性
酢酸緩衝液	20mM	pH5	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	20mM	pH6	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	20mM	pH7	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	100mM	pH6	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
クエン酸緩衝液	20mM	pH5	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	20mM	pH6	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	20mM	pH7	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	100mM	pH6	+	+	+	—	—	—	—	—	—	—
ヒト型化抗体 13.0mg/ml 酢酸緩衝液 16.8mg/ml クエン酸緩衝液	20mM	pH6	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	20mM	pH6	+	+	+	—	—	—	—	—	—	—
	20mM	pH6	+	+	+	—	—	—	—	—	—	—
	20mM	pH6	+	+	+	—	—	—	—	—	—	—

肉眼的所見 —: 異常なし ±: 淡紅斑 +: 紅斑 ++: 紅斑および腫脹

病理組織所見 —: 異常なし ±: 出血、表皮角化細胞の空胞形成あるいは組織の軽微な変化 ++: 炎症性細胞浸潤および水腫

刺激性 —: 陰性 +: 陽性

表 6 に示すように、ヒト型化抗体 (16.8 mg/mL) / 20 mmol/L クエン酸緩衝液 (pH 6) 溶液は、肉眼的には紅斑および腫脹、病理組織学的検査では軽度の炎症性細胞浸潤および軽度の水腫を惹起するため、局所刺激性を有すると判断した。

これに対して、ヒト型化抗体 (13.0 mg/mL) / 20 mmol/L 酢酸緩衝液 (pH 6)

5 溶液は、肉眼所見及び病理組織所見ともに症状が認められず、刺激性を有していないと判断した。

以上の結果から、緩衝剤として酢酸を用いることによって、疼痛緩和作用を有する注射製剤が得られることが明らかとなった。

10 [参考例 1]

抗PTHrP (1-34) マウスモノクローナル抗体産生ハイブリドーマの作製

ヒトPTHrP (1-34) に対するモノクローナル抗体産生ハイブリドーマ #23-57-154

および #23-57-137-1 は、以下の通り作製した (Sato, K. et al., J. Bone Miner. Res. 8, 849-860, 1993)。なお、ヒトPTHrP (1-34) のアミノ酸配列を配列

15 番号75に示す。

免疫原として使用するために、PTHrP (1-34) (Peninsula 製) とキャリアータンパクであるサイログロブリンをカルボジイミド (Dojinn) を用いて結合した。

サイログロブリンと結合したPTHrP (1-34) を透析し、タンパク濃度として $2 \mu\text{g/ml}$ となるように調製した後、フロイントアジュバント (Difco) と 1:1 で混合し、

20 エマルジョン作製後、16匹の雌性BALB/Cマウスの背部皮下又は腹腔内に動物あたり $100 \mu\text{g}$ を11回免疫した。初回免疫は、フロイント完全アジュバントを用い、二回目以降の追加免疫にはフロイント不完全アジュバントを使用した。

免疫したマウスの血清中の抗体価の測定は、以下の方法で行った。すなわち、マウス尾静脈より採血し、血清分離後RIAバッファーで希釈した抗血清と ^{125}I 標識PTHrP (1-34) を混合し、結合活性を測定した。抗体価の上昇したマウスの腹腔に、キャリアータンパクを結合していないPTHrP (1-34) を動物あたり $50 \mu\text{g}$ を最終免疫した。

最終免疫 3 日目にマウスを屠殺し、脾臓を摘出後、脾臓細胞とマウスミエロ

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

ーマ細胞株P3x63Ag8U.1 を50%ポリエチレングリコール4000を用いる常法にしたがって細胞融合した。細胞融合した細胞を 2×10^4 /ウェルの細胞数で85枚の96穴プレートに蒔き込んだ。ハイブリドーマの選別はHAT培地を用いて行った。

ハイブリドーマのスクリーニングは、HAT培地中で生育の認められた穴の培養上清を固相化RIA法にてPTHrP認識抗体の有無を測定し選択することにより行った。抗体との結合能の認められた穴からハイブリドーマを回収し、15%FCSを含むRPMI-1640 培地にOPI-supplement (Sigma) を添加した培地に懸濁し、限界希釈法にてハイブリドーマの単一化を実施した。PTHrP (1-34) との結合能の強いクローン#23-57-154 および#23-57-137-1 を得た。

なお、ハイブリドーマクローン#23-57-137-1 は、mouse-mouse hybridoma #23-57-137-1 として、工業技術院生命工学工業技術研究所（茨城県つくば市東1丁目1番3号）に、平成8年8月15日に、FERM BP-5631としてブダペスト条約に基づき国際寄託されている。

〔参考例2〕 ヒトPTHrP (1-34) に対するマウスモノクローナル抗体のV領域をコードするDNAのクローニング

ヒトPTHrP (1-34) に対するマウスモノクローナル抗体#23-57-137-1 の可変領域をコードするDNAを次の様にしてクローニングした。

(1) mRNAの調製

ハイブリドーマ#23-57-137-1 からのmRNAをQuick Prep mRNA Purification Kit (Pharmacia Biotech社) を用いて調製した。ハイブリドーマ#23-57-137-1 の細胞を抽出バッファー で完全にホモジナイズし、キット添付の処方に従い、oligo(dT)-Cellulose Spun Column にてmRNAを精製し、エタノール沈殿をおこなった。mRNA沈殿物を溶出バッファーに溶解した。

(2) マウスH鎖V領域をコードする遺伝子のcDNAの作製および増幅

(i) #23-57-137-1 抗体H鎖V領域cDNAのクローニング

ヒトPTHrPに対するマウスモノクローナル抗体のH鎖V領域をコードする遺伝

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

子のクローニングは、5'-RACE法 (Frohman, M. A. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 85, 8998-9002, 1988; Belyavsky, A. et al., Nucleic Acids Res. 17, 2919-2932, 1989) により行った。5'-RACE法には5'-Ampli FINDER RACE kit (CLONETECH社) を用い、操作はキット添付の処方にしたがって行った。

- 5 cDNA合成に使用するプライマーは、マウスH鎖定常領域 (C領域) とハイブリダイズするMHC2プライマー (配列番号1) を用いた。前記のようにして調製したmRNA約 2 μ gを鋳型としてMHC2プライマー10pmole を加え、逆転写酵素と52℃、30分間反応させることによりcDNAへの逆転写を行った。

- 10 6 N NaOH でRNAを加水分解 (65℃、30分間) した後、エタノール沈殿によりcDNAを精製した。T4 DNAリガーゼで37℃で6時間、室温で16時間反応することにより、合成したcDNAの5'末端にAmpli FINDER Anchor (配列番号42) を連結した。これを鋳型としてPCRにより増幅するためのプライマーとしてAnchorプライマー (配列番号2) およびMHC-G1プライマー (配列番号3) (S. T. Jones, et al., Biotechnology, 9, 88, 1991) を使用した。

- 15 PCR溶液は、その50 μ l中に10mM Tris-HCl (pH8.3)、50mM KCl、0.25mM dNTPs (dATP, dGTP, dCTP, dTTP)、1.5 mM MgCl₂、2.5 ユニットのTaKaRa Taq (宝酒造)、10pmole のAnchorプライマー、並びにMHC-G1プライマー及びAmpli FINDER Anchor を連結したcDNAの反応混合物1 μ lを含有する。この溶液に50 μ lの鉱油を上層した。PCRはThermal Cycler Model 480J (Perkin Elmer) を用い、9
20 4℃にて45秒間、60℃にて45秒間、72℃にて2分間の温度サイクルで30回行った。

(ii) #23-57-137-1 抗体L鎖V領域のcDNAのクローニング

- ヒトPTHrPに対するマウスモノクローナル抗体のL鎖V領域をコードする遺伝子のクローニングは、5'-RACE法 (Frohman, M. A. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85, 8998-9002, 1988 ; Belyavsky, A. et al., Nucleic Acids Res. 17, 2919-2932, 1989) により行った。5'-RACE法には5'-Ampli Finder RACE
25 Kit (Clonetech) を用い、操作は添付の処方に従った。cDNA合成に使用するプライマーは、oligo-dTプライマーを用いた。前記のように調製したmRNA約 2 μ gを鋳型としてoligo-dTプライマーを加え、逆転写酵素と52℃、30分間反応させる

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

ことによりcDNAへの逆転写を行った。6 N NaOHでRNAを加水分解（65℃、30分間）した後、エタノール沈殿によりcDNAを精製した。合成したcDNAの5'末端に前記Ampli FINDER Anchor をT4 DNAリガーゼで37℃で6時間、室温で16時間反応させることにより連結した。

- 5 マウスL鎖入鎖定常領域の保存配列からPCRプライマーMLC（配列番号4）を設計し、394 DNA/RNA Synthesizer（ABI社）を用いて合成した。PCR溶液は、その100 μ l中に10 mM Tris-HCl（pH8.3）、50mM KCl、0.25mM dNTPs（dATP, dGTP, dCTP, dTTP）、1.5mM MgCl₂、2.5ユニットのAmpliTaq（PERKIN ELMER）、50pmoleのAnchorプライマー（配列番号2）、並びにMLC（配列番号4）
10 およびAmpli FINDER Anchorを連結したcDNAの反応混合物1 μ lを含有する。この溶液に50 μ lの鉱油を上層した。PCRはThermal Cycler Model480J（Perkin Elmer）を用い、94℃にて45秒間、60℃にて45秒間、72℃にて2分間の温度サイクルで35回行った。

15 (3) PCR生成物の精製および断片化

- 前記のようにしてPCR法により増幅したDNA断片を、3% Nu Sieve GTGアガロース（FMC Bio. Products）を用いたアガロースゲル電気泳動により分離した。H鎖V領域として約550bp長、L鎖V領域として約550bp長のDNA断片を含有するアガロース片を切り取り、GENECLEAN II Kit（BI0101）を用い、キット添付の処
20 方に従いDNA断片を精製した。精製したDNAをエタノールで沈殿させた後、10mM Tris-HCl（pH7.4）、1 mM EDTA 溶液20 μ lに溶解した。得られたDNA溶液1 μ lを制限酵素XmaI（New England Biolabs）により37℃で1時間消化し、次いで制限酵素EcoRI（宝酒造）により37℃で1時間消化した。この消化混合物をフェノール及びクロロホルムで抽出し、エタノール沈殿によりDNAを回収した。
25 こうして、5'-末端にEcoRI 認識配列を有し、3'-末端にXmaI認識配列を有するマウスH鎖V領域およびL鎖V領域をコードする遺伝子を含むDNA断片を得た。
上記のようにして調製したマウスH鎖V領域およびL鎖V領域をコードする遺伝子を含むEcoRI-XmaI DNA断片とEcoRI 及びXmaIで消化することにより調製し

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

たpUC19 ベクターをDNAライゲーションキットver. 2 (宝酒造) を用い、添付の
処方に従い16℃で1時間反応させ連結した。次に10 μ l の上記連結混合物を大腸
菌JM109コンピテント細胞 (ニッポンジーン) 100 μ l に加え、この細胞を氷上
で15分間、42℃にて1分間、さらに氷上で1分間静置した。次いで300 μ l のS
5 OC培地 (Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Sambrook, et al., Cold
Spring Harbor Laboratory Press, 1989) を加え37℃にて30分間インキュベ
ートした後、100 μ g/ml又は50 μ g/mlのアンピシリン、0.1mM のIPTG、20 μ g/ml
のX-galを含むLB寒天培地または2xYT寒天培地 (Molecular Cloning: A Labgora
tory Manual, Sambrook, et al., Cold Spring Harbor Laboratory Press, 198
10 9) 上にこの大腸菌をまき、37℃にて一夜インキュベートして大腸菌形質転換体
を得た。

この形質転換体を100 μ g/ml又は50 μ g/mlのアンピシリンを含有するLB培地
または2xYT培地 2 ml で37℃にて一夜培養し、菌体画分からプラスミド抽出機P
I-100 Σ (クラボウ) 又はQIAprep Spin Plasmid Kit (QIAGEN) を用いてプラスミ
15 ドDNAを調製し、塩基配列の決定を行った。

(4) マウス抗体V領域をコードする遺伝子の塩基配列決定

前記のプラスミド中のcDNAコード領域の塩基配列をDye Terminator Cycle Se
quencing kit (Perkin-Elmer) を用い、DNA Sequencer 373A (ABI社Perkin-Elme
20 r) により決定した。配列決定用プライマーとしてM13 Primer M4 (宝酒造)
(配列番号5) 及びM13 Primer RV (宝酒造) (配列番号6) を用い、両方向
の塩基配列を確認することにより配列を決定した。

こうして得られたハイブリドーマ#23-57-137-1 に由来するマウスH鎖V領域
をコードする遺伝子を含有するプラスミドをMBC1H04、L鎖V領域をコードす
25 る遺伝子を含有するプラスミドをMBC1L24 と命名した。プラスミドMBC1H04 お
よびMBC1L24 に含まれるマウス#23-57-137-1 抗体のH鎖V領域およびL鎖V領
域をコードする遺伝子の塩基配列 (対応するアミノ酸配列を含む) をそれぞれ配
列番号57、65に示す。これらのアミノ酸配列を、H鎖V領域の断片については配

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

列番号46、L鎖V領域の断片については配列番号45に示す。

なお、前記プラスミドMBC1H04 およびMBC1L24 を有する大腸菌はEscherichia coli JM109 (MBC1H04) およびEscherichia coli JM109 (MBC1L24) として、工業技術院生命工学工業技術研究所（茨城県つくば市東1丁目1番3号）に、平成8年8月15日に、Escherichia coli JM109 (MBC1H04)についてはFERM BP-5628、Escherichia coli JM109 (MBC1L24)についてはFERM BP-5627としてブダペスト条約に基づき国際寄託されている。

(5) ヒトPTHrPに対するマウスモノクローナル抗体#23-57-137-1 のCDRの決定

10 H鎖V領域およびL鎖V領域の全般の構造は、互いに類似性を有しており、それぞれ4つのフレームワーク部分が3つの超可変領域、すなわち相補性決定領域(CDR)により連結されている。フレームワークのアミノ酸配列は、比較的よく保存されているが、一方、CDR領域のアミノ酸配列の変異性は極めて高い(Kabat, E. A. et al., 「Sequence of Proteins of Immunological Interest」 US Dept. Health and Human Services, 1983)。

15 このような事実に基づき、ヒトPTHrPに対するマウスモノクローナル抗体の可変領域のアミノ酸配列をKabat らにより作成された抗体のアミノ酸配列のデータベースにあてはめて、相同性を調べることによりCDR領域を表7に示すごとく決定した。

20 なお、L鎖V領域のCDR 1～3のアミノ酸配列についてはそれぞれ配列番号59～61に示し、H鎖V領域のCDR 1～3のアミノ酸配列についてはそれぞれ配列番号62～64に示した。

表 7

V 領域	配列番号	CDR1	CDR2	CDR3
H 鎖 V 領域	5 7	31-35	50-66	99-107
L 鎖 V 領域	6 5	23-34	50-60	93-105

〔参考例 3〕キメラ抗体の構築

(1) キメラ抗体 H 鎖の構築

5 (i) H 鎖 V 領域の構築

ヒト H 鎖 C 領域 C_H1 のゲノム DNA を含む発現ベクターに連結するために、クローニングしたマウス H 鎖 V 領域を PCR 法により修飾した。後方プライマー MBC1-S1 (配列番号 7) は V 領域のリーダー配列の 5'-側をコードする DNA にハイブリダイズし、且つ Kozak コンセンサス配列 (Kozak, M. et al., J. Mol. Biol., 1
10 96, 947-950, 1987) 及び制限酵素 Hind III の認識配列を有するように設計した。前方プライマー MBC1-a (配列番号 8) は J 領域の 3'-側をコードする DNA 配列にハイブリダイズし、且つ、スプライスドナー配列及び制限酵素 BamHI の認識配列を有するように設計した。PCR は、TaKaRa Ex Taq (宝酒造) を用い、50 μ l の反応混合液に鋳型 DNA として 0.07 μ g のプラスミド MBC1H04、プライマーとして MB
15 C1-a および MBC1-S1 をそれぞれ 50 pmole、2.5 U の TaKaRa Ex Taq、0.25 mM の dNTP 含む条件で添付緩衝液を使用して 50 μ l の鉱油を上層し、94℃ にて 1 分間、55℃ にて 1 分間、72℃ にて 2 分間の温度サイクルで 30 回行った。PCR 法により増幅した DNA 断片を 3% Nu Sieve GTG アガロース (FMC Bio. Products) を用いたア
ガロースゲル電気泳動により分離した。

20 437bp 長の DNA 断片を含有するアガロース片を切取り、GENECLEAN II Kit (BIO 101) を用い、キット添付の処方に従い DNA 断片を精製した。精製した DNA をエタノール沈殿で回収した後、10 mM Tris-HCl (pH 7.4)、1 mM EDTA 溶液 20 μ l に溶解した。得られた DNA 溶液 1 μ l を制限酵素 BamHI、Hind III (宝酒造) により 37℃ 1 時間消化した。この消化混合物をフェノール及びクロロホルムで抽出し、
25 エタノール沈殿により DNA を回収した。

上記のようにして調製したマウスH鎖V領域をコードする遺伝子を含むHind III-BamHI DNA断片をHind IIIおよびBamHIで消化することにより調製したpUC19ベクターにサブクローニングした。このプラスミドの塩基配列を確認するためプライマーM13 Primer M4 およびM13 Primer RV をプライマーとして、Dye Terminator Cycle Sequencing kit (Perkin-Elmer) を用い、DNA Sequencer 373A (Perkin-Elmer) により塩基配列を決定した。正しい塩基配列を有するハイブリドーマ#23-57-137-1 に由来するマウスH鎖V領域をコードする遺伝子を含有し、5'-側にHind III認識配列及びKozak 配列、3'-側にBamHI認識配列を持つプラスミドをMBC1H/pUC19 と命名した。

10 (ii) cDNAタイプのマウスーヒトキメラH鎖の作製のためのH鎖V領域の構築

ヒトH鎖C領域C γ 1のcDNAと連結するために、上記のようにして構築したマウスH鎖V領域をPCR法により修飾した。H鎖V領域のための後方プライマーMBC1HVS2 (配列番号9) はV領域のリーダー配列の最初をコードする配列の2番のアスパラギンをグリシンに変換し、且つKozak コンセンサス配列 (Kozak, M. et al., J. Mol. Biol., 196, 947-950, 1987) 並びにHind IIIおよびEcoRI 認識配列を有するように設計した。H鎖V領域のための前方プライマーMBC1HVR2 (配列番号10) はJ領域の3'-側をコードするDNA配列にハイブリダイズし、且つ、C領域の5'-側の配列をコードしApa I およびSmaI認識配列を有するように設計した。

PCRはTaKaRa Ex Taq (宝酒造) を用い、50 μ lの反応混合液に鋳型DNAとして0.6 μ gのプラスミドMBC1H/pUC19、プライマーとしてMBC1HVS2およびMBC1HVR2をそれぞれ50pmole、TaKaRa Ex Taq を2.5U、0.25mMのdNTPを含む条件で添付の緩衝液を使用して50 μ lの鉱油を上層して94℃ 1分間、55℃ 1分間、72℃ 1分間の温度サイクルで30回行った。PCR法により増幅したDNA断片を1%Sea Kem GTG アガロース (FMC Bio. Products) を用いたアガロースゲル電気泳動により分離した。456bp 長のDNA断片を含有するアガロース片を切取り、GENECLEAN II Kit (BI0101) を用い、キット添付の処方に従いDNA断片を精製した。精製したDN

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

Aをエタノール沈殿させた後、10mM Tris-HCl (pH7.4)、1 mM EDTA 溶液20 μ l に溶解した。

得られたDNA溶液1 μ l を制限酵素EcoRI およびSmaI (宝酒造) により37℃で1時間消化した。この消化混合物をフェノール及びクロロホルムで抽出し、エタノール沈殿によりDNAを回収した。上記のようにして調製したマウスH鎖V領域をコードする遺伝子を含むEcoRI-SmaI DNA断片をEcoRI およびSmaIで消化することにより調製したpUC19 ベクターにサブクローニングした。このプラスミドの塩基配列を確認するため、プライマーM13 Primer M4 及びM13 Primer RV をプライマーとして、Dye Terminator Cycle Sequencing kit (Perkin-Elmer) を用い、DNA Sequencer 373A (Perkin-Elmer) により塩基配列を決定した。正しい塩基配列を有するハイブリドーマ#23-57-137-1 に由来するマウスH鎖V領域をコードする遺伝子を含むし、5'-側にEcoRI およびHind III認識配列並びにKoza k 配列、3'-側にApaIおよびSmaI認識配列を持つプラスミドをMBC1Hv/pUC19と命名した。

15 (iii) キメラ抗体H鎖の発現ベクターの構築

ヒト抗体H鎖C領域C γ 1を含むcDNAは、以下のようにして調製した。すなわち、ヒト型化PM1抗体H鎖V領域およびヒト抗体H鎖C領域IgG1のゲノムDNA (N. Takahashi, et al., Cell 29, 671-679 1982) をコードする発現ベクターDHF R- Δ E-RVh-PM-1-f (W092/19759参照) と、ヒト型化PM1抗体L鎖V領域およびヒト抗体L鎖 κ 鎖C領域のゲノムDNAをコードする発現ベクターRV1-PM1a (W092/19759参照) とを導入したCHO細胞よりmRNAを調製し、RT-PCR法でヒト型化PM1抗体H鎖V領域およびヒト抗体C領域C γ 1を含むcDNAをクローニングし、pUC19のHind IIIとBamHI部位にサブクローニングした。塩基配列を確認した後、正しい配列を持つプラスミドをpRVh-PM1f-c DNAと命名した。

25 DHFR- Δ E-RVh-PM-1-f上のSV40プロモーターとDHFR遺伝子との間にあるHind III部位、およびEF-1 α プロモーターとヒト型化PM1抗体H鎖V領域との間にあるEcoRI 部位を欠失した発現ベクターを作製し、ヒト型化PM1抗体H鎖V領域およびヒト抗体C領域C γ 1を含むcDNAの発現ベクターの構築のために使用した。

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

pRVh-PM1f-cDNAをBamHIで消化した後、Klenowフラグメントで平滑化し、さらにHind IIIで消化し、Hind III-BamHI平滑化断片を調製した。このHind III-BamHI平滑化断片を、上記のHind III部位およびEcoRI 部位が欠失したDHFR- Δ E-RVh-PM1-f をHind IIIおよびSmaIで消化することにより調製した発現ベクターに

5 連結し、ヒト型化PM1抗体H鎖V領域およびヒト抗体C領域C γ 1をコードするcDNAを含む発現ベクターRVh-PM1f-cDNAを構築した。

ヒト型化PM1抗体H鎖V領域およびヒト抗体C領域C γ 1をコードするcDNAを含む発現ベクターRVh-PM1f-cDNAをApaIおよびBamHIで消化した後、H鎖C領域を含むDNA断片を回収し、ApaIおよびBamHIで消化することにより調製したMBC1

10 Hv/pUC19に導入した。こうして作製したプラスミドをMBC1HcDNA /pUC19 と命名した。このプラスミドはマウス抗体のH鎖V領域およびヒト抗体C領域C γ 1をコードするcDNAを含み、5'-末端にEcoRI およびHind III認識配列、3'-末端にBamHI認識配列を持つ。

プラスミドMBC1HcDNA/pUC19 をEcoRI およびBamHIで消化し、得られたキメラ

15 抗体のH鎖をコードする塩基配列を含むDNA断片を、EcoRI およびBamHIで消化することにより調製した発現ベクターpCOS1に導入した。こうして得られたキメラ抗体の発現プラスミドをMBC1HcDNA/pCOS1と命名した。なお、発現ベクターpCOS1は、HEF-PMh-g γ 1 (W092/19759参照) から、EcoRI およびSmaI消化により抗体遺伝子を削除し、EcoRI-NotI-BamHI アダプター (宝酒造) を連結することにより構築した。

20

さらにCHO細胞での発現に用いるためのプラスミドを作製するため、プラスミドMBC1HcDNA/pUC19 をEcoRI およびBamHIで消化し、得られたキメラ抗体H鎖配列を含むDNA断片を、EcoRI およびBamHIで消化することにより調製した発現プラスミドpCH01に導入した。こうして得られたキメラ抗体の発現プラスミドをM

25 BC1HcDNA/pCH01 と命名した。なお、発現ベクターpCH01は、DHFR- Δ E-rvH-PM1-f (W092/19759参照) から、EcoRI およびSmaI消化により抗体遺伝子を削除し、EcoRI-NotI-BamHI Adaptor (宝酒造) を連結することにより構築した。

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

(2) ヒトL鎖定常領域の構築

(i) クローニングベクターの作製

ヒトL鎖定常領域を含むpUC19ベクターを構築するために、Hind III部位欠失pUC19ベクターを作製した。pUC19ベクター2 μ gを20mM Tris-HCl (pH8.5)、10mM MgCl₂、1mM DTT、100 mM KCl、8 UのHind III (宝酒造) を含有する反応混合液20 μ l中で37℃にて1時間消化した。消化混合液をフェノールおよびクロロホルムで抽出し、DNAをエタノール沈殿により回収した。

回収したDNAを50mM Tris-HCl (pH7.5)、10mM MgCl₂、1mM DTT、100mM NaCl、0.5mM dNTP、6 UのKlenowフラグメント (GIBCO BRL) を含有する50 μ lの反応混合液中で室温にて20分間反応させ、末端を平滑化させた。反応混合液をフェノールおよびクロロホルムで抽出し、ベクターDNAをエタノール沈殿により回収した。

回収したベクターDNAを50mM Tris-HCl (pH7.6)、10mM MgCl₂、1mM ATP、1mM DTT、5% (v/v) ポリエチレングリコール-8000、0.5 UのT4 DNAリガーゼ (GIBCO BRL) を含有する反応混合液10 μ l中で16℃で2時間反応させ、自己連結させた。反応混合液5 μ lを大腸菌JM109 コンピテント細胞 (ニッポンジーン) 100 μ lに加え、氷上で30分間静置した後、42℃にて1分間、さらに氷上で1分間静置した。SOC培地500 μ lを加えて、37℃で1時間インキュベーションした後、X-galとIPTGを表面に塗布した2×YT寒天培地 (50 μ g/mlアンピシリン含有) (Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Sambrook, et al., Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989) にまき、37℃で一夜培養して形質転換体を得た。

形質転換体を、50 μ g/mlアンピシリンを含有する2×YT培地20mlで37℃一夜培養し、菌体画分からPlasmid Mini Kit (QIAGEN) を用いて、添付の処方に従ってプラスミドDNAを精製した。精製したプラスミドをHind IIIで消化し、Hind III部位が欠失していることを確認したプラスミドをpUC19 Δ Hind IIIと命名した。

(ii) ヒトL鎖入鎖定常領域をコードする遺伝子の構築

ヒト抗体L鎖入鎖C領域は、Mcg+ Ke+ Oz⁻、Mcg⁻ Ke⁻ Oz⁻、Mcg⁻ Ke⁻ Oz⁺

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

、Mcg⁻ Ke⁺ Oz⁻ の少なくとも4種類のアイソタイプが知られている (P. Dariavach, et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 84, 9074-9078, 1987) 。 #23-57-137-1 マウスL鎖入鎖C領域と相同性を有するヒト抗体L鎖入鎖C領域をEMBLデータベースで検索した結果、アイソタイプがMcg⁺ Ke⁺ Oz⁻ (accession No. X57819) (P. Dariavach, et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 84, 9074-9078, 1987) のヒト抗体L鎖入鎖が最も高い相同性を示し、#23-57-137-1 マウスL鎖入鎖C領域との相同性はアミノ酸配列で64.4%、塩基配列で73.4%であった。

そこで、このヒト抗体L鎖入鎖C領域をコードする遺伝子の構築をPCR法を用いて行った。各プライマーの合成は、394 DNA/RNA synthesizer (ABI 社) を用いて行った。HLAMB1 (配列番号11) およびHLAMB3 (配列番号13) はセンスDNA配列を有し、HLAMB2 (配列番号12) およびHLAMB4 (配列番号14) はアンチセンスDNA配列を有し、それぞれのプライマーの両端に20から23bpの相補的配列を有する。

外部プライマーHLAMBS (配列番号15)、HLAMBR (配列番号16) はHLAMB1、HLAMB4とそれぞれ相同な配列を有しており、またHLAMBSはEcoRI、Hind III、BlnI認識配列を、HLAMBRはEcoRI 認識配列をそれぞれ含んでいる。第一PCRでHLAMB1-HLAMB2 とHLAMB3-HLAMB4 の反応を行った。反応後、それらを等量混合し、第二PCRでアセンブリを行った。さらに外部プライマーHLAMBSおよびHLAMBRを添加し、第三PCRにより全長DNAを増幅させた。

PCRはTaKaRa Ex Taq (宝酒造) を使い、添付の処方に従って行った。第一PCRでは、5 pmole のHLAMB1および 0.5pmole のHLAMB2と5 UのTaKaRa Ex Taq (宝酒造) とを含有する100 μ l の反応混合液、あるいは0.5pmoleのHLAMB3および5 pmole のHLAMB4と5 UのTaKaRa Ex Taq (宝酒造) とを含有する100 μ l の反応混合液を用い、50 μ l の鉱油を上層して94℃にて1分間、60℃にて1分間、72℃にて1分間の温度サイクルで5回行った。

第二PCR は、反応液を50 μ l ずつ混合し、50 μ l の鉱油を上層して94℃にて1分間、60℃にて1分間、72℃にて1分間の温度サイクルで3回行った。

第三PCRは、反応液に外部プライマーHLAMBSおよびHLAMBRを各50pmole ずつ添加し、94℃にて1分間、60℃にて1分間、72℃にて1分間の温度サイクルで30回

行った。

第三PCR産物のDNA断片を3%低融点アガロースゲル (NuSieve GTG Agarose, FMC) で電気泳動した後、GENECLEANII Kit (BI0101) を用い、添付の処方に従ってゲルから回収、精製した。

- 5 得られたDNA断片を50mM Tris-HCl (pH7.5)、10mM MgCl₂、1mM DTT、100mM NaCl、8 UのEcoRI (宝酒造) を含有する20 μ lの反応混合液中で37℃にて1時間消化した。消化混合液をフェノールおよびクロロホルムで抽出、DNAをエタノール沈殿で回収した後、10mM Tris-HCl (pH7.4)、1mM EDTA 溶液8 μ lに溶解した。
- 10 プラスミドpUC19 Δ Hind III 0.8 μ gを同様にEcoRI で消化し、フェノールおよびクロロホルムで抽出、エタノール沈殿により回収した。消化したプラスミドpUC19 Δ Hind IIIを50 mM Tris-HCl (pH9.0)、1mM MgCl₂、アルカリホスファターゼ (E. coli C75, 宝酒造) を含有する反応混合液50 μ l中で37℃、30分間反応させ脱リン酸処理 (BAP処理) した。反応液をフェノールおよびクロロホルムで抽出、DNAをエタノール沈殿により回収した後、10mM Tris-HCl (pH7.4)、
- 15 1mM EDTA 溶液10 μ lに溶解した。

- 上記のBAP処理したプラスミドpUC19 Δ Hind III 1 μ lと先のPCR産物4 μ lをDNA Ligation Kit Ver.2 (宝酒造) を用いて連結し、大腸菌JM109 コンピテント細胞に形質転換した。得られた形質転換体を50 μ g/mlアンピシリンを含有する2 \times YT培地2 mlで一夜培養し、菌体画分からQIAprep Spin Plasmid Kit (QIAGEN) を用いてプラスミドを精製した。
- 20

- 上記プラスミドについて、クローニングされたDNAの塩基配列の確認を行った。塩基配列の決定には373A DNA sequencer (ABI 社) を用い、プライマーにはM13 Primer M4 およびM13 Primer RV (宝酒造) を用いた。その結果、クローニングされたDNAの内部に12bpの欠失があることが判明した。このDNAを含むプラスミドをC λ Δ /pUC19 と命名した。そこで、その部分を補うためのプライマーHCLMS (配列番号17)、HCLMR (配列番号18) を新たに合成し、PCRで再度正しいDNAの構築を行った。
- 25

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

第一PCRで欠失DNAを含むプラスミドC λ Δ /pUC19 を鋳型とし、プライマーH LAMBSとHCLMR、HCLMS とHLAMB4で反応を行った。PCR産物をそれぞれ精製し、第二PCRでアセンブリを行った。さらに外部プライマーHLAMBSおよびHLAMB4を添加し、第三PCRにより全長DNAを増幅させた。

5 第一PCRでは、鋳型としてC λ Δ /pUC19 0.1 μ g、プライマーHLAMBSおよびHCLMR 各50pmole、あるいはHCLMS およびHLAMB4各50pmole、5 UのTaKaRa Ex Taq (宝酒造) を含有する100 μ lの反応混合液を用い、50 μ lの鋳油を上層して94℃にて1分間、60℃にて1分間、72℃にて1分間の温度サイクルで30回行った。

10 PCR産物HLAMBS-HCLMR(236bp)、HCLMS-HLAMB4(147bp) をそれぞれ3%低融点アガロースゲルで電気泳動した後、GENECLEANII Kit (BI0101) を用いてゲルから回収、精製した。第二PCRでは精製DNA断片各40ng、1 UのTaKaRa Ex Taq (宝酒造) を含有する20 μ lの反応混合液を用い、25 μ lの鋳油を上層して94℃にて1分間、60℃にて1分間、72℃にて1分間の温度サイクルを5回行った。

15 第三PCRでは、第二PCR反応液2 μ l、外部プライマーHLAMBS、HLAMB4各50pmole、5 UのTaKaRa Ex Taq (宝酒造) を含有する100 μ lの反応混合液を用い、50 μ lの鋳油を上層した。PCRは、94℃にて1分間、60℃にて1分間、72℃にて1分間の温度サイクルで30回行った。第三PCR産物である357bpのDNA断片を3%低融点アガロースゲルで電気泳動した後、GENECLEANII Kit (BI0101) を用いてゲルから回収、精製した。

25 得られたDNA断片0.1 μ gをEcoRI で消化した後、BAP処理したプラスミドpUC19 Δ Hind IIIにサブクローニングした。大腸菌JM109コンピテント細胞に形質転換し、50 μ g/mlアンピシリンを含有する2 \times YT培地2mlで一夜培養し、菌体画分からQIAprep Spin Plasmid Kit (QIAGEN)を用いてプラスミドを精製した。

精製したプラスミドについて塩基配列をM13 Primer M4、M13 Primer RV (宝酒造)を用い、373A DNA sequencer (ABI 社)にて決定した。欠失のない正しい塩基配列を有していることが確認されたプラスミドをC λ /pUC19 とした。

(iii) ヒトL鎖 κ 鎖定常領域をコードする遺伝子の構築

プラスミドHEF-PM1k-gk (W092/19759) からL鎖 κ 鎖C領域をコードするDNA断片をPCR法を用いてクローニングした。394 DNA/RNA synthesizer (ABI 社) を用いて合成した前方プライマーHKAPS (配列番号19) はEcoRI、Hind III、Bln I認識配列を、後方プライマーHKAPA (配列番号20) はEcoRI 認識配列を有するように設計した。

鑄型となるプラスミドHEF-PM1k-gk 0.1 μ g、プライマーHKAPS、HKAPA 各50pmole、5 UのTaKaRa Ex Taq (宝酒造) を含有する100 μ lの反応混合液を用い、50 μ lの鉱油を上層した。94℃にて1分間、60℃にて1分間、72℃にて1分間の反応を30サイクル行った。360bpのPCR産物を3%低融点アガロースゲルで電気泳動した後、GENECLEANII Kit (BI0101) を用いてゲルから回収、精製した。

得られたDNA断片をEcoRIで消化した後、BAP処理したプラスミドpUC19 Δ Hind IIIにクローニングした。大腸菌JM109コンピテント細胞に形質転換し、50 μ g/mlアンピシリンを含有する2 \times YT培地2mlで一夜培養し、菌体画分からQIAprep Spin Plasmid Kit (QIAGEN) を用いてプラスミドを精製した。

精製したプラスミドの塩基配列をM13 Primer M4、M13 Primer RV (宝酒造) を用い、373A DNA sequencer (ABI社) にて決定した。正しい塩基配列を有していることが確認されたプラスミドをC κ /pUC19 とした。

20

(3) キメラ抗体L鎖発現ベクターの構築

キメラ#23-57-137-1 抗体L鎖発現ベクターを構築した。プラスミドC λ /pUC19、C κ /pUC19のヒト抗体定常領域の直前にあるHind III、BlnI部位に、#23-57-137-1 L鎖V領域をコードする遺伝子を連結することによって、それぞれキメラ#23-57-137-1 抗体L鎖V領域およびL鎖 λ 鎖またはL鎖 κ 鎖定常領域をコードするpUC19ベクターを作製した。EcoRI消化によってキメラ抗体L鎖遺伝子を切り出し、HEF発現ベクターへサブクローニングを行った。

すなわち、プラスミドMBC1L24 から#23-57-137-1 抗体L鎖V領域をPCR法を

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

用いてクローニングした。各プライマーの合成は、394 DNA/RNA synthesizer (ABI 社) を用いて行った。後方プライマーMBCCHL1 (配列番号21) はHind III認識配列とKozak 配列 (Kozak, M. et al., J. Mol. Biol. 196, 947-950, 1987) を、前方プライマーMBCCHL3 (配列番号22) はBglIII、EcoRI 認識配列を有するよう
5 に設計した。

PCRは、10mM Tris-HCl (pH8.3)、50mM KCl、1.5mM MgCl₂、0.2mM dNTP、0.1 μ g のMBC1L24、プライマーとしてMBCCHL1 およびMBCCHL3 を各50pmole、1 μ l の AmpliTaq (PERKIN ELMER) を含有する100 μ l の反応混合液を用い、50 μ l の鉱油を上層して94℃にて45秒間、60℃にて45秒間、72℃にて2分間の温度
10 サイクルで30回行った。

444bpのPCR産物を3%低融点アガロースゲルで電気泳動した後、GENECLEAN I kit (BI0101) を用いてゲルから回収、精製し、10mM Tris-HCl (pH7.4)、1mM EDTA 溶液20 μ l に溶解した。PCR産物1 μ l をそれぞれ10mM Tris-HCl (pH7.5)、10mM MgCl₂、1mM DTT、50mM NaCl、8 UのHind III (宝酒造) および8
15 UのEcoRI (宝酒造) を含有する反応混合液20 μ l 中で37℃にて1時間消化した。消化混合液をフェノールおよびクロロホルムで抽出、DNAをエタノール沈殿で回収し、10mM Tris-HCl (pH7.4)、1mM EDTA 溶液8 μ l に溶解した。

プラスミドpUC19 1 μ g を同様にHind IIIおよびEcoRI で消化し、フェノールおよびクロロホルムで抽出、エタノール沈殿により回収し、アルカリホスファターゼ (E. coli C75, 宝酒造) でBAP処理した。反応液をフェノールおよびクロロホルムで抽出、DNAをエタノール沈殿で回収した後、10mM Tris-HCl (pH7.4)、1mM EDTA 溶液10 μ l に溶解した。

BAP処理したプラスミドpUC19 1 μ l と先のPCR産物4 μ l をDNA Ligation Kit Ver. 2 (宝酒造) を用いて連結し、大腸菌JM109コンピテント細胞 (ニッポン
25 ジーン) に前述と同様に形質転換した。これを50 μ g/mlアンピシリンを含有する2×YT寒天培地にまき、37℃で一夜培養した。得られた形質転換体を、50 μ g/mlアンピシリンを含有する2×YT培地2mlで37℃で一夜培養した。菌体画分からQIA prep Spin Plasmid Kit (QIAGEN) を用いてプラスミドを精製した。塩基配列を決

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

定後、正しい塩基配列を有するプラスミドをCHL/pUC19 とした。

プラスミドC λ /pUC19、C κ /pUC19 各1 μ gをそれぞれ20mM Tris-HCl (pH8.5)、10mM MgCl₂、1mM DTT、100mM KCl、8UのHind III (宝酒造) および2UのBlnI (宝酒造) を含有する反応混合液20 μ l中で37℃にて1時間消化した。消化混合液をフェノールおよびクロロホルムで抽出、DNAをエタノール沈殿で回収した後、37℃で30分間BAP処理を行った。反応液をフェノールおよびクロロホルムで抽出し、DNAをエタノール沈殿で回収し、10mM Tris-HCl (pH7.4)、1mM EDTA 溶液10 μ lに溶解した。

#23-57-137-1 L鎖V領域を含むプラスミドCHL/pUC19 から8 μ gを同様にHind IIIおよびBlnIで消化した。得られた409bpのDNA断片を3%低融点アガロースゲルで電気泳動した後、GENECLEANII Kit (BI0101) を用いてゲルから回収、精製し、10mM Tris-HCl (pH7.4)、1mM EDTA 溶液10 μ lに溶解した。

このL鎖V領域DNA 4 μ lをBAP処理したプラスミドC λ /pUC19 またはC κ /pUC19 各1 μ lにサブクロニングし、大腸菌JM109コンピテント細胞に形質転換した。50 μ g/mlアンピシリンを含有する2 \times YT培地3mlで一夜培養し、菌体画分からQIAprep Spin Plasmid Kit (QIAGEN) を用いてプラスミドを精製した。これらをそれぞれプラスミドMBC1L(λ)/pUC19、MBC1L(κ)/pUC19 とした。

プラスミドMBC1L(λ)/pUC19 およびMBC1L(κ)/pUC19 をそれぞれEcoRIで消化し、3%低融点アガロースゲルで電気泳動した後、743bpのDNA断片をGENECLEANII Kit (BI0101) を用いてゲルから回収、精製し、10mM Tris-HCl (pH7.4)、1mM EDTA 溶液10 μ lに溶解した。

発現ベクターとしてプラスミドHEF-PM1k-gk 2.7 μ gをEcoRIで消化し、フェノールおよびクロロホルムで抽出、DNAをエタノール沈殿で回収した。回収したDNA断片をBAP処理した後、1%低融点アガロースゲルで電気泳動し、6561bpのDNA断片をGENECLEANII Kit (BI0101) を用いてゲルから回収、精製し、10mM Tris-HCl (pH7.4)、1mM EDTA 溶液10 μ lに溶解した。

BAP処理したHEFベクター2 μ lを上記プラスミドMBC1L(λ) またはMBC1L(κ)

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

EcoRI 断片各 $3 \mu\text{l}$ と連結し、大腸菌 JM109 コンピテント細胞に形質転換した。
50 $\mu\text{g}/\text{ml}$ アンピシリンを含有する $2 \times \text{YT}$ 培地 2 ml で培養し、菌体画分から QIAprep Spin Plasmid Kit (QIAGEN) を用いてプラスミドを精製した。

精製したプラスミドを、 20 mM Tris-HCl ($\text{pH} 8.5$)、 10 mM MgCl_2 、 1 mM DTT、 100 mM KCl、 8 U の Hind III (宝酒造) および 2 U の PvuI (宝酒造) を含有する反応混合液 $20 \mu\text{l}$ 中で 37°C にて 1 時間消化した。断片が正しい方向に挿入されてい
れば $5104/2195 \text{ bp}$ 、逆方向に挿入されていれば $4378/2926 \text{ bp}$ の消化断片が生
じることより、正しい方向に挿入されていたプラスミドをそれぞれ MBC1L(λ)/neo、MBC1L(κ)/neo とした。

10

(4) COS-7細胞のトランスフェクション

キメラ抗体の抗原結合活性および中和活性を評価するため、前記発現プラスミドを COS-7細胞で一過性に発現させた。

すなわちキメラ抗体の一過性発現は、プラスミド MBC1HcDNA/pCOS1 と MBC1L(λ)/neo または MBC1HcDNA/pCOS1 と MBC1L(κ)/neo の組み合わせで、Gene Pulser 装置 (Bio Rad) を用いてエレクトロポレーションにより COS-7細胞に同時形質導入した。

PBS (-) 中に 1×10^7 細胞/ ml の細胞濃度で懸濁されている COS-7細胞 0.8 ml に、各プラスミド DNA $10 \mu\text{g}$ を加え、 $1,500 \text{ V}$ 、 $25 \mu\text{F}$ の静電容量にてパルスを与えた。室温にて 10 分間の回復期間の後、エレクトロポレーション処理された細胞を 2% の
20 Ultra Low IgG ウシ胎児血清 (GIBCO) を含有する DMEM 培地 (GIBCO) に懸濁し、 10 cm 培養皿を用いて CO_2 インキュベーターにて培養した。 72 時間の培養の後、培養上清を集め、遠心分離により細胞破片を除去し、ELISA の試料に供した。

また、COS-7細胞の培養上清からのキメラ抗体の精製は、AffiGel Protein A MA PSII キット (BioRad) を用いてキット添付の処方に従って行った。

25

(5) ELISA

(i) 抗体濃度の測定

抗体濃度測定のための ELISA プレートを次のようにして調製した。ELISA 用 96 穴

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

プレート (Maxisorp, NUNC) の各穴を固相化バッファー (0.1M NaHCO₃, 0.02% NaN₃) で1 μ g/mlの濃度に調製したヤギ抗ヒトIgG抗体 (TAGO) 100 μ lで固相化し、200 μ lの希釈バッファー (50mM Tris-HCl, 1mM MgCl₂, 0.1M NaCl, 0.05% Tween20, 0.02% NaN₃, 1% 牛血清アルブミン (BSA), pH7.2) でブロッキングの後、

5 キメラ抗体を発現させたCOS細胞の培養上清あるいは精製キメラ抗体を段階希釈して各穴に加えた。1時間室温にてインキュベートしPBS-Tween20で洗浄後、アルカリフォスファターゼ結合ヤギ抗ヒトIgG抗体 (TAGO) 100 μ lを加えた。1時間室温にてインキュベートしPBS-Tween20で洗浄の後、1mg/mlの基質溶液 (Sigma104, p-ニトロフェニルリン酸、SIGMA) を加え、次に405nmでの吸光度をマイクロプレートリーダー (Bio Rad) で測定した。濃度測定のスタンダードとして、Hu IgG 1 λ Purified (The Binding Site) を用いた。

10

(ii) 抗原結合能の測定

抗原結合測定のためのELISAプレートでは、次のようにして調製した。ELISA用96穴プレートの各穴を固相化バッファーで1 μ g/mlの濃度に調製したヒトPTHrP

15 (1-34) (ペプチド研究所) 100 μ lで固相化した。200 μ lの希釈バッファーでブロッキングの後、キメラ抗体を発現させたCOS細胞の培養上清あるいは精製キメラ抗体を段階希釈して各穴に加えた。室温にてインキュベートしPBS-Tween20で洗浄後、アルカリフォスファターゼ結合ヤギ抗ヒトIgG抗体 (TAGO) 100 μ lを加えた。室温にてインキュベートしPBS-Tween20で洗浄の後、1mg/mlの基質溶液 (Sigma104, p-ニトロフェニルリン酸、SIGMA) を加え、次に405nmでの吸光度をマイクロプレートリーダー (Bio Rad) で測定した。

20

その結果、キメラ抗体は、ヒトPTHrP (1-34) に対する結合能を有しており、クローニングしたマウス抗体V領域の正しい構造を有することが示された。また、キメラ抗体においてL鎖C領域が λ 鎖あるいは κ 鎖のいずれであっても抗体のPTHrP (1-34) に対する結合能は変化しないことから、ヒト型化抗体のL鎖C領域は、

25 ヒト型化抗体L鎖 λ 鎖を用いて構築した。

(6) CHO安定産生細胞株の樹立

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

キメラ抗体の安定産生細胞株を樹立するため、前記発現プラスミドをCHO細胞 (DXB11) に導入した。

すなわちキメラ抗体の安定産生細胞株樹立は、CHO細胞用発現プラスミドMBC1H cDNA／pCHO1とMBC1L(λ)／neoまたはMBC1HcDNA／pCHO1とMBC1L(κ)／neoの組み合わせで、Gene Pulser装置 (Bio Rad) を用いてエレクトロポレーションによりCHO細胞に同時形質導入した。それぞれの発現ベクターを制限酵素PvuIで切断して直鎖DNAにし、フェノールおよびクロロホルム抽出後、エタノール沈殿でDNAを回収してエレクトロポレーションに用いた。PBS (-) 中に 1×10^7 細胞/mlの細胞濃度で懸濁されているCHO細胞0.8mlに、各プラスミドDNA 10 μgを加え、1,500V, 25 μFの静電容量にてパルスを与えた。室温にて10分間の回復期間の後、エレクトロポレーション処理された細胞を10%ウシ胎児血清 (GIBCO) を添加したMEM-α培地 (GIBCO) に懸濁し、3枚の96穴プレート (Falcon) を用いてCO₂ インキュベーターにて培養した。培養開始翌日に、10%ウシ胎児血清 (GIBCO) および500mg/mlのGENETICIN (G418Sulfate, GIBCO) 添加、リボヌクレオシドおよびデオキリボヌクレオシド不含MEM-α培地 (GIBCO) の選択培地を交換し、抗体遺伝子の導入された細胞を選択した。選択培地交換後、2週間前後に顕微鏡下で細胞を観察し、順調な細胞増殖が認められた後に、上記抗体濃度測定ELISAにて抗体産生量を測定し、抗体産生量の多い細胞を選別した。

樹立した抗体の安定産生細胞株の培養を拡大し、ローラーボトルにて2%のUltra Low IgGウシ胎児血清添加、リボヌクレオシドおよびデオキリボヌクレオシド不含MEM培地を用いて、大量培養を行った。培養3ないし4日目に培養上清を回収し、0.2 μmのフィルター (Millipore) により細胞破片を除去した。

CHO細胞の培養上清からのキメラ抗体の精製は、POROSプロテインAカラム (PerSeptive Biosystems) を用いて、ConSep LC100 (Millipore) にて添付の処方に従って行い、中和活性の測定および高カルシウム血症モデル動物での薬効試験に供した。得られた精製キメラ抗体の濃度および抗原結合活性は、上記ELISA系にて測定した。

〔参考例 4〕 ヒト型化抗体の構築

(1) ヒト型化抗体H鎖の構築

(i) ヒト型化H鎖V領域の構築

ヒト型化#23-57-137-1抗体H鎖を、PCR法によるCDR-グラフティングにより作
5 製した。ヒト抗体S31679 (NBRF-PDB、Cuisinier A. M. ら、Eur. J. Immunol., 23,
110-118, 1993) 由来のFRを有するヒト型化#23-57-137-1抗体H鎖（バージョン
"a"）の作製のために6個のPCRプライマーを使用した。CDR-グラフティングプ
ライマーMBC1HGP1（配列番号23）及びMBC1HGP3（配列番号24）はセンスDNA配列を
有し、そしてCDRグラフティングプライマーMBC1HGP2（配列番号25）及びMBC1HGP4
10 （配列番号26）はアンチセンスDNA配列を有し、そしてそれぞれプライマーの両端
に15から21bpの相補的配列を有する。外部プライマーMBC1HVS1（配列番号27）及び
MBC1HVR1（配列番号28）はCDRグラフティングプライマーMBC1HGP1及びMBC1HGP4と
ホモロジーを有する。

CDR-グラフティングプライマーMBC1HGP1、MBC1HGP2、MBC1HGP3およびMBC1HGP4
15 は尿素変性ポリアクリルアミドゲルを用いて分離し（Molecular Cloning: A Lab
oratory Manual, Sambrookら、Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989）、
ゲルからの抽出はcrush and soak法（Molecular Cloning: A Laboratory Manual,
Sambrookら、Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989）にて行った。

すなわち、それぞれ1 nmoleのCDR-グラフティングプライマーを6%変性ポリ
20 アクリルアミドゲルで分離し、目的の大きさのDNA断片の同定をシリカゲル薄層
板上で紫外線を照射して行い、crush and soak法にてゲルから回収し20 μ l の1
0mM Tris-HCl (pH7.4), 1mM EDTA溶液に溶解した。PCRは、TaKaRa Ex Taq（宝酒
造）を用い、100 μ l の反応混合液に上記の様に調製したCDR-グラフティングプ
ライマーMBC1HGP1、MBC1HGP2、MBC1HGP3およびMBC1HGP4をそれぞれ1 μ l、0.25
25 mMのdNTP、2.5UのTaKaRa Ex Taqを含む条件で添付緩衝液を使用して94℃にて1
分間、55℃にて1分間、72℃にて1分間の温度サイクルで5回行い、さらに50pm
oleの外部プライマーMBC1HVS1及びMBC1HVR1を加え、同じ温度サイクルを30回行
った。PCR法により増幅したDNA断片を4%Nu Sieve GTGアガロース（FMC Bio. Pr

oducts) を用いたアガロースゲル電気泳動により分離した。

421bp長のDNA断片を含有するアガロース片を切取り、GENECLEANII Kit (BI0101) を用い、キット添付の処方に従いDNA断片を精製した。精製したDNAをエタノールで沈殿させた後、10mM Tris-HCl (pH7.4), 1mM EDTA溶液20 μ lに溶解した。得られたPCR反応混合物をBamHIおよびHindIIIで消化することにより調製したpUC19にサブクローニングし、塩基配列を決定した。正しい配列を有するプラスミドをhMBCHv/pUC19と命名した。

(ii) ヒト型化H鎖cDNAのためのH鎖V領域の構築

ヒトH鎖C領域C γ 1のcDNAと連結するために、上記のようにして構築したヒト型化H鎖V領域をPCR法により修飾した。後方プライマーMBC1HVS2はV領域のリーダー配列の5'-側をコードする配列とハイブリダイズし、且つKozakコンセンサス配列 (Kozak, M. ら、J. Mol. Biol. 196, 947-950, 1987)、HindIIIおよびEcoRI認識配列を有するように設計した。H鎖V領域のための前方プライマーMBC1HVR2はJ領域の3'-側をコードするDNA配列にハイブリダイズし、且つC領域の5'-側の配列をコードしApaIおよびSmaI認識配列を有するように設計した。

PCRはTaKaRa Ex Taq (宝酒造) を用い、鋳型DNAとして0.4 μ gのhMBCHv/pUC19を用い、プライマーとしてMBC1HVS2およびMBC1HVR2をそれぞれ50pmole、2.5 UのTaKaRa Ex Taq、0.25mMのdNTPを含む条件で添付緩衝液を使用し、94℃にて1分間、55℃にて1分間、72℃にて1分間の温度サイクルで30回行った。PCR法により増幅したDNA断片を3% Nu Sieve GTGアガロース (FMC Bio. Products) を用いたアガロースゲル電気泳動により分離した。

456bp長のDNA断片を含有するアガロース片を切取り、GENECLEANII Kit (BI0101) を用い、キット添付の処方に従いDNA断片を精製した。精製したDNAをエタノールで沈殿させた後、10mM Tris-HCl (pH7.4), 1mM EDTA溶液20 μ lに溶解した。得られたPCR反応混合物をEcoRIおよびSmaIで消化することで調製したpUC19にサブクローニングし、塩基配列を決定した。こうして得られたハイブリドーマ#23-57-137-1に由来するマウスH鎖V領域をコードする遺伝子を含有し、5'-側にEcoRI

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

およびHindIII認識配列及びKozak配列、3'-側にApaIおよびSmaI認識配列を持つプラスミドをhMBC1Hv/pUC19と命名した。

(2) ヒト型化抗体H鎖の発現ベクターの構築

5 hPM1抗体H鎖 cDNAの配列を含むプラスミドRVh-PM1f-cDNAをApaIおよびBamHIにて消化し、H鎖C領域を含むDNA断片を回収し、ApaIおよびBamHIで消化することにより調製したhMBC1Hv/pUC19に導入した。こうして作製したプラスミドをhMBC1HcDNA/pUC19と命名した。このプラスミドはヒト型化#23-57-137-1抗体のH鎖V領域及びヒトH鎖C領域C_H1を含み、5'-末端にEcoRIおよびHindIII認識配列、3'-末端にBamHI認識配列を持つ。プラスミドhMBC1HcDNA/pUC19に含まれるヒト型化H鎖バージョン"a"の塩基配列および対応するアミノ酸配列を配列番号58
10 に示す。また、バージョンaのアミノ酸配列を配列番号56に示す。

hMBC1HcDNA/pUC19をEcoRIおよびBamHIで消化し、得られたH鎖配列を含むDNA断片をEcoRIおよびBamHIで消化することにより調製した発現プラスミドpCOS1に
15 導入した。こうして得られたヒト型化抗体の発現プラスミドをhMBC1HcDNA/pCOS1と命名した。

さらにCHO細胞での発現に用いるためのプラスミドを作製するためhMBC1HcDNA/pUC19をEcoRIおよびBamHIで消化し、得られたH鎖配列を含むDNA断片をEcoRIおよびBamHIで消化することにより調製した発現プラスミドpCHO1に導入した。こう
20 して得られたヒト型化抗体の発現プラスミドをhMBC1HcDNA/pCHO1と命名した。

(3) L鎖ハイブリッド可変領域の構築

(i) FR1, 2/FR3, 4ハイブリッド抗体の作製

ヒト型化抗体とマウス（キメラ）抗体のFR領域を組み換えたL鎖遺伝子を構築
25 し、ヒト型化のための各領域の評価を行った。CDR2内にある制限酵素AflIII切断部位を利用することによって、FR1及び2はヒト抗体由来、FR3及び4はマウス抗体由来とするハイブリッド抗体を作製した。

プラスミドMBC1L(λ)/neo及びhMBC1L(λ)/neo各10 μgを10mM Tris-HCl (pH7.

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

5), 10mM $MgCl_2$, 1mM DTT, 50mM NaCl, 0.01% (w/v) BSA, AflIII (宝酒造) 10U
を含有する反応混合液100 μ l中で37℃にて1時間消化した。反応液を2%低融点
アガロースゲルで電気泳動し、プラスミドMBC1L(λ)/neoから6282bpの断片(c1と
5 断片(h1とする)および1022bpの断片(c2とする)、プラスミドhMBC1L(λ)/neoから6282bpの
断片(h1とする)および1022bpの断片(h2とする)を、GENECLEANII Kit (BI0101)
を用いてゲルから回収、精製した。

回収したc1、h1断片各1 μ gについてBAP処理を行った。DNAをフェノ
ールおよびクロロホルムで抽出、エタノール沈殿で回収した後、10mM Tris-HCl
(pH7.4), 1mM EDTA溶液10 μ lに溶解した。

10 BAP処理したc1及びh1断片1 μ lをそれぞれh2、c2断片4 μ lに連結
し(4℃、一夜)、大腸菌JM109コンピテント細胞に形質転換した。50 μ g/ml
アンピシリンを含有する2×YT培地2mlで培養し、菌体画分からQIAprep Spin P
lasmid Kit(QIAGEN)を用いてプラスミドを精製した。

精製したプラスミドを、10mM Tris-HCl(pH7.5), 10mM $MgCl_2$, 1mM DTT, ApaL
15 I(宝酒造)2U、またはBamHI(宝酒造)8U, HindIII(宝酒造)8Uを含有する反
応混合液20 μ l中で37℃、1時間消化した。c1-h2が正しく連結されていれば、
ApaLIで5560/1246/498bp、BamHI/HindIIIで7134/269bpの消化断片が生じること
により、プラスミドの確認を行った。

これをヒトFR1,2/マウスFR3,4ハイブリッド抗体L鎖をコードする発現ベクタ
20 ーをh/mMBC1L(λ)/neoとした。一方、h1-c2のクローンが得られなかったので、p
UCベクター上で組換えてからHEFベクターにクローニングした。その際、アミノ
酸置換のないヒト型化抗体L鎖V領域を含むプラスミドhMBC1La λ /pUC19、及びF
R3内の91位(Kabatの規定によるアミノ酸番号87位)のチロシンをイソロイシンに
置換したヒト型化抗体L鎖V領域を含むプラスミドhMBC1Ld λ /pUC19を鋳型とし
25 て用いた。

プラスミドMBC1L(λ)/pUC19、hMBC1La λ /pUC19及びhMBC1Ld λ /pUC19の各10 μ g
を10mM Tris-HCl(pH7.5), 10mM $MgCl_2$, 1mM DTT, 50mM NaCl, 0.01% (w/v) BSA,
HindIII 16U, AflIII 4Uを含有する反応混合液30 μ l中で37℃、1時間消化した。

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

反応液を2%低融点アガロースゲルで電気泳動し、プラスミドMBC1L(λ)/pUC19から215bp(c2')、プラスミドhMBC1La λ /pUC19およびhMBC1Ld λ /pUC19からそれぞれ3218bp(ha1', hd1')のDNA断片をGENECLEANII Kit(BI0101)を用いてゲルから回収、精製した。

- 5 ha1'、hd1'断片をそれぞれc2'断片に連結し、大腸菌JM109コンピテント細胞に形質転換した。50 μ g/mlアンピシリンを含有する2 \times YT培地2mlで培養し、菌体画分からQIAprep Spin Plasmid Kit(QIAGEN)を用いてプラスミドを精製した。これらをそれぞれプラスミドm/hMBC1La λ /pUC19、m/hMBC1Ld λ /pUC19とした。

- 得られたプラスミドm/hMBC1La λ /pUC19、m/hMBC1Ld λ /pUC19をEcoRIで消化した。それぞれ743bpのDNA断片を2%低融点アガロースゲルで電気泳動した後、GENECLEANII Kit(BI0101)を用いてゲルから回収、精製し、10mM Tris-HCl(pH7.4), 1mM EDTA溶液20 μ lに溶解した。

- 各DNA断片4 μ lを前述のBAP処理したHEFベクター1 μ lに連結し、大腸菌JM109コンピテント細胞に形質転換した。50 μ g/mlアンピシリンを含有する2 \times YT培地2mlで培養し、菌体画分からQIAprep Spin Plasmid Kit(QIAGEN)を用いてプラスミドを精製した。

- 精製した各プラスミドを、20mM Tris-HCl(pH8.5), 10mM MgCl₂, 1mM DTT, 10mM KCl, HindIII(宝酒造)8U, PvuI(宝酒造)2Uを含有する反応混合液20 μ l中で37 $^{\circ}$ Cにて1時間消化した。断片が正しい方向に挿入されていれば5104/2195bp、逆方向に挿入されていれば4378/2926bpの消化断片が生じることより、プラスミドの確認を行った。これらをそれぞれマウスFR1, 2/ヒトFR3, 4ハイブリッド抗体L鎖をコードする発現ベクターをm/hMBC1La λ /neo、m/hMBC1Ld λ /neoとした。

(ii) FR1/FR2ハイブリッド抗体の作製

- CDR1内にあるSnaBI切断部位を利用することによって、同様にFR1とFR2のハイブリッド抗体を作製した。

プラスミドMBC1L(λ)/neo及びh/mMBC1L(λ)/neoの各10 μ gを10mM Tris-HCl(pH7.9), 10mM MgCl₂, 1mM DTT, 50mM NaCl, 0.01% (w/v) BSA, SnaBI(宝酒造)6Uを含有する反応混合液20 μ l中で37 $^{\circ}$ Cにて1時間消化した。次に20mM Tris-HCl

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

(pH8.5), 10mM $MgCl_2$, 1mM DTT, 100mM KCl, 0.01% (w/v) BSA, PvuI 6 Uを含有する反応混合液50 μ l中で37℃にて1時間消化した。

反応液を1.5%低融点アガロースゲルで電気泳動した後、プラスミドMBC1L(λ)/neoから4955bp (m1) および2349bp (m2)、プラスミドh/mMBC1L(λ)/neoから4955bp (hm1) および2349bp (hm2) の各DNA断片をGENECLEANII Kit (BI0101)を用いてゲルから回収、精製し、10mM Tris-HCl (pH7.4), 1mM EDTA溶液40 μ lに溶解した。

m1、hm1断片1 μ lをそれぞれhm2、m2断片4 μ lに連結し、大腸菌JM109コンピテント細胞に形質転換した。50 μ g/mlアンピシリンを含有する2 \times YT培地2mlで培養し、菌体画分からQIAprep Spin Plasmid Kit (QIAGEN)を用いてプラスミドを精製した。

精製した各プラスミドを、10mM Tris-HCl (pH7.5), 10mM $MgCl_2$, 1mM DTT, ApaI (宝酒造) 8U、またはApaLI (宝酒造) 2Uを含有する反応混合液20 μ l中で37℃にて1時間消化した。

各断片が正しく連結されていれば、ApaIで7304bp、ApaLIで5560/1246/498bp (m1-hm2)、ApaIで6538/766bp、ApaLIで3535/2025/1246/498bp (hm1-m2) の消化断片が生じることにより、プラスミドの確認を行った。これらをそれぞれヒトFR1/マウスFR2, 3, 4ハイブリッド抗体L鎖をコードする発現ベクターをhmmMBC1L(λ)/neo、マウスFR1/ヒトFR2/マウスFR3, 4ハイブリッド抗体L鎖をコードする発現ベクターをmhmMBC1L(λ)/neoとした。

(4) ヒト型化抗体L鎖の構築

ヒト型化#23-57-137-1抗体L鎖を、PCR法によるCDR-グラフティングにより作製した。ヒト抗体HSU03868 (GEN-BANK、Deftos Mら, Scand. J. Immunol., 39, 95-103, 1994) 由来のFR1、FR2およびFR3、並びにヒト抗体S25755 (NBRF-PDB) 由来のFR4を有するヒト型化#23-57-137-1抗体L鎖 (バージョン" a ") の作製のために6個のPCRプライマーを使用した。

CDR-グラフティングプライマーMBC1LGP1 (配列番号29) 及びMBC1LGP3 (配列番号30) はセンスDNA配列を有し、そしてCDRグラフティングプライマーMBC1LGP2 (配列

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

番号31) 及びMBC1LGP4 (配列番号32) はアンチセンスDNA配列を有し、そしてそれぞれプライマーの両端に15から21bpの相補的配列を有する。外部プライマーMBC1LVS1 (配列番号33) 及びMBC1LVR1 (配列番号34) はCDRグラフティングプライマーMBC1LGP1及びMBC1LGP4とホモロジーを有する。

- 5 CDR-グラフティングプライマーMBC1LGP1、MBC1LGP2、MBC1LGP3およびMBC1LGP4は尿素変性ポリアクリルアミドゲルを用いて分離し (Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Sambrookら, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989)、ゲルからの抽出はcrush and soak法 (Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Sambrookら, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989) にて行った。
- 10 すなわち、それぞれ1nmoleのCDR-グラフティングプライマーを6%変性ポリアクリルアミドゲルで分離し、目的の大きさのDNA断片の同定をシリカゲル薄層板上で紫外線を照射して行い、crush and soak法にてゲルから回収し20 μ lの10mM Tris-HCl (pH7.4), 1mM EDTA溶液に溶解した。

- PCRは、TaKaRa Ex Taq (宝酒造) を用い、100 μ lの反応混合液に上記の様に調製したCDR-グラフティングプライマーMBC1LGP1、MBC1LGP2、MBC1LGP3およびMBC1LGP4をそれぞれ1 μ l、0.25mMのdNTP、2.5UのTaKaRa Ex Taqを含む条件で添付緩衝液を使用して94℃にて1分間、55℃にて1分間、72℃にて1分間の温度サイクルで5回行い、この反応混合液に50pmoleの外部プライマーMBC1LVS1及びMBC1LVR1を加え、さらに同じ温度サイクルで30回反応させた。PCR法により増幅したDNA断片を3% Nu Sieve GTGアガロース (FMC Bio. Products) を用いたアガロースゲル電気泳動により分離した。
- 15 20

- 421bp長のDNA断片を含有するアガロース片を切り取り、GENECLEANII Kit (BI0101) を用い、キット添付の処方に従いDNA断片を精製した。得られたPCR反応混合物をBamHIおよびHindIIIで消化することにより調製したpUC19にサブクローニングし、塩基配列を決定した。こうして得られたプラスミドをhMBCL/pUC19と命名した。しかしながらCDR4の104位 (Kabatの規定によるアミノ酸番号96位) のアミノ酸がアルギニンになっていたため、これをチロシンに修正するための修正プライマーMBC1LGP10R (配列番号35) を設計し、合成した。PCRはTaKaRa Taq (宝酒造) を
- 25

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

5 用い、100 μ lの反応混合液に鋳型DNAとして0.6 μ gのプラスミドhMBCL/pUC19、プライマーとしてMBC1LVS1及びMBC1LGP10Rをそれぞれ50 pmole、2.5 UのTaKaRa Ex Taq (宝酒造) 0.25 mMのdNTPを含む条件で添付の緩衝液を使用して50 μ lの鉱油を上層して94℃にて1分間、55℃にて1分間、72℃にて1分間の温度サイクルで30回
行った。PCR法により増幅したDNA断片を3% Nu Sieve GTGアガロース (FMC Bio. Products) を用いたアガロースゲル電気泳動により分離した。

421 bp長のDNA断片を含有するアガロース片を切取り、GENECLEANII Kit (BI0101) を用い、キット添付の処方に従いDNA断片を精製した。得られたPCR反応混合物をBamHIおよびHindIIIで消化することにより調製したpUC19にサブクローニング
10 した。

M13 Primer M4プライマー及びM13 Primer RVプライマーを用いて塩基配列を決定した結果、正しい配列を得ることができたので、このプラスミドをHindIIIおよびBlnIで消化し、416 bpの断片を1%アガロースゲル電気泳動により分離した。GENECLEANII Kit (BI0101) を用い、キット添付の処方に従いDNA断片を精製
15 した。得られたPCR反応混合物をHindIIIおよびBlnIで消化することにより調製したプラスミドC λ /pUC19に導入し、プラスミドhMBC1La λ /pUC19と命名した。このプラスミドをEcoRI消化し、ヒト型化L鎖をコードする配列を含む配列をプラスミドpC0S1に導入し、EF1 α プロモーターの下流にヒト型化L鎖の開始コドンが位置するようにした。こうして得られたプラスミドをhMBC1La λ /pC0S1と命名し
20 した。ヒト型化L鎖バージョン" a "の塩基配列 (対応するアミノ酸を含む) を配列番号66に示す。また、バージョン a のアミノ酸配列を配列番号47に示す。

バージョン" b "をPCR法による変異導入を用いて作製した。バージョン" b "では43位 (Kabatの規定によるアミノ酸番号43位) のグリシンをプロリンに、49位 (Kabatの規定によるアミノ酸番号49位) のリジンをアスパラギン酸に変更するように
25 に設計した。変異原プライマーMBC1LGP5R (配列番号36) とプライマーMBC1LVS1によりプラスミドhMBC1La λ /pUC19を鋳型としてPCRを行い、得られたDNA断片をBamHIおよびHindIIIで消化し、pUC19のBamHI, HindIII部位にサブクローニングした。塩基配列決定後、制限酵素HindIIIおよびAflIIIで消化し、HindIIIおよびAfl

IIで消化したhMBC1La λ /pUC19と連結した。

こうして得られたプラスミドをhMBC1Lb λ /pUC19とし、このプラスミドをEcoRIで消化し、ヒト型化L鎖をコードするDNAを含む断片をプラスミドpCOS1に導入し、EF1 α プロモーターの下流にヒト型化L鎖の開始コドンが位置するようにした。

5 こうして得られたプラスミドをhMBC1Lb λ /pCOS1と命名した。

バージョン" c "をPCR法による変異導入を用いて作製した。バージョン" c "では84位 (Kabatの規定によるアミノ酸番号80位) のセリンをプロリンに変更するように設計した。変異原プライマーMBC1LGP6S (配列番号37) とプライマーM13 Primer RVによりプラスミドhMBC1La λ /pUC19を鋳型としてPCRを行い、得られたDNA断片をBamHIおよびHindIIIで消化し、BamHIおよびHindIIIで消化することにより調製したpUC19にサブクローニングした。

塩基配列決定後、制限酵素BstPIおよびAor51HIで消化し、BstPIおよびAor51HIで消化したhMBC1La λ /pUC19と連結した。こうして得られたプラスミドをhMBC1Lc λ /pUC19とし、このプラスミドを制限酵素EcoRI消化し、ヒト型化L鎖をコードする配列を含む配列をプラスミドpCOS1のEcoRI部位に導入し、EF1 α プロモーターの下流にヒト型化L鎖の開始コドンが位置するようにした。こうして得られたプラスミドをhMBC1Lc λ /pCOS1と命名した。

バージョン" d " 、" e " 及び" f " をPCR法による変異導入を用いて作製した。各バージョンとも順に" a " 、" b " 、" c " バージョンの91位 (Kabatの規定によるアミノ酸番号87位) のチロシンをイソロイシンに変更するように設計した。変異原プライマーMBC1LGP11R (配列番号38) とプライマーM-S1 (配列番号44) によりそれぞれhMBC1La λ /pCOS1, hMBC1Lb λ /pCOS1, hMBC1Lc λ /pCOS1を鋳型としてPCRを行い、得られたDNA断片をBamHIおよびHindIIIで消化し、BamHIおよびHindIIIで消化することにより調製したpUC19にサブクローニングした。塩基配列決定後、HindIIIおよびBlnIで消化し、HindIIIおよびBlnIで消化することにより調製したC λ /pUC19と連結した。

こうして得られたプラスミドを順にhMBC1Ld λ /pUC19、hMBC1Le λ /pUC19、hMBC1Lf λ /pUC19とした。これらのプラスミドをEcoRI消化し、ヒト型化L鎖をコード

する配列を含む配列をプラスミドpCOS1のEcoRI部位に導入し、EF1 α プロモーターの下流にヒト型化L鎖の開始コドンが位置するようにした。こうして得られたプラスミドをそれぞれ順にhMBC1Ld λ /pCOS1、hMBC1Le λ /pCOS1、hMBC1Lf λ /pCOS1と命名した。

- 5 バージョン" g " 及び" h " をPCR法による変異導入を用いて作製した。各バージョンとも順に" a " 、" d " バージョンの36位 (Kabatの規定によるアミノ酸番号36位) のヒスチジンをチロシンに変更するように設計した。変異原プライマーMBC1LGP9R (配列番号39) およびM13 Primer RVをプライマーとして用いて、hMBC1La λ /pUC19を鋳型としてPCRを行い、得られたPCR産物とM13 Primer M4をプライマーとして用いて、プラスミドhMBC1La λ /pUC19を鋳型としてさらにPCRを行った。得られたDNA断片をHindIIIおよびBlnIで消化し、HindIIIおよびBlnIで消化することで調製したプラスミドC λ /pUC19にサブクローニングした。このプラスミドを鋳型として、プライマーMBC1LGP13R (配列番号40) とMBC1LVS1をプライマーとしたPCRを行った。得られたPCR断片をApaIおよびHindIIで消化し、ApaIおよびHindIIIで消化したプラスミドhMBC1La λ /pUC19およびhMBC1Ld λ /pUC19に導入した。
- 10 塩基配列を決定し、正しい配列を含むプラスミドを順にhMBC1Lg λ /pUC19およびhMBC1Lh λ /pUC19とし、これらのプラスミドを制限酵素EcoRI消化し、ヒト型化L鎖をコードする配列を含む配列をプラスミドpCOS1のEcoRI部位に導入し、EF1 α プロモーターの下流にヒト型化L鎖の開始コドンが位置するようにした。こうして得られたプラスミドをそれぞれ順にhMBC1Lg λ /pCOS1およびhMBC1Lh λ /pCOS1と命名した。

- バージョン" i " 、" j " 、" k " 、" l " 、" m " 、" n " および" o " をPCR法による変異導入を用いて作製した。変異原プライマーMBC1LGP14S (配列番号41) とプライマーVIRV(λ) (配列番号43) によりプラスミドhMBC1La λ /pUC19を鋳型としてPCR
- 25 を行い、得られたDNA断片をApaIおよびBlnIで消化し、ApaIおよびBlnIで消化することにより調製したプラスミドhMBC1Lg λ /pUC19にサブクローニングした。塩基配列決定を行い、それぞれのバージョンに対応した変異が導入されたクローンを選択した。こうして得られたプラスミドをhMBC1Lx λ /pUC19 (x = i , j , k ,

5 バージョン”j”、“l”、“m”および”o”の塩基配列（対応するアミノ酸を含む）をそれぞれ配列番号67、68、69、70に示す。また、これらの各バージョンのアミノ酸配列をそれぞれ配列番号48、49、50、51に示す。

バージョン"p"、"q"、"r"、"s" および"t" は、バージョン"i"、
"j"、"m"、"l" または"o" のアミノ酸配列の87位のチロシンをイソロイ
シンに置換したバージョンであり、FR3内にある制限酵素Aor51MI切断部位を利用
して、バージョン"h" を、各バージョン"i"、"j"、"m"、"l" または"
o" とつなぎ換えることにより作製したものである。すなわち、発現プラスミ
ドhMBC1Lxλ/pC0S1 (x=i, j, m, l, o) 中、CDR3並びにFR3の一部及びFR
4を含むAor51HI断片514bpを除き、ここに発現プラスミドhMBC1Lhλ/pC0S1中、CD
R3並びにFR3の一部及びFR4を含むAor51HI断片514bpをつなぐことにより91位 (Kab
atの規定によるアミノ酸番号87位) のチロシンがイソロイシンとなるようにした。
塩基配列決定を行い、各バージョン"i"、"j"、"m"、"l" および"o" の
91位 (Kabatの規定によるアミノ酸番号87位) のチロシンがイソロイシンに置換さ
れたクローンを選択し、対応するバージョンをそれぞれ"p"、"q"、"s"、
"r" および"t" とし、得られたプラスミドをhMBC1Lxλ/pC0S1 (x=p, q,
s, r, t) と命名した。バージョン"q"、"r"、"s" および"t" の塩基
配列 (対応するアミノ酸を含む) をそれぞれ配列番号71、72、73、74に示す。ま
た、これらの各バージョンのアミノ酸配列をそれぞれ配列番号52、53、54、55に
示す。

25 プラスミドhMBC1Lqλ/pCOS1をHindIIIおよびEcoRIで消化し、HindIIIおよびEcoRIで消化したプラスミドpUC19にサブクローニングし、プラスミドhMBC1Lqλ/pUC19と命名した。

ヒト型化L鎖の各バージョンにおける置換アミノ酸の位置を表8に示す。

表 8

配列表における置換アミノ酸の位置
(K a b a t の規定によるアミノ酸番号)

バージョン	3 6	4 3	4 5	4 7	4 9	8 0	8 7
a							
b		P			D		
c						P	
d							I
e		P			D		I
f						P	I
g	Y						
h	Y						I
i	Y		K				
j	Y		K		D		
k	Y		K	V			
l	Y		K	V	D		
m	Y				D		
n	Y			V			
o	Y			V	D		
p	Y		K				I
q	Y		K		D		I
r	Y				D		I
s	Y		K	V	D		I
t	Y			V	D		I

- 5 表中、Yはチロシン、Pはプロリン、Kはリジン、Vはバリン、Dはアスパラギン酸、Iはイソロイシンを示す。

なお、前記プラスミドhMBC1HcDNA/pUC19およびhMBC1Lqλ/pUC19を有する大腸菌はEscherichia coli JM109 (hMBC1HcDNA/pUC19) および Escherichia coli JM109 (hMBC1Lqλ/pUC19) として、工業技術院生命工学工業技術研究所（茨城県つくば市東1丁目1番3号）に、平成8年8月15日に、Escherichia coli JM109 (hMBC1HcDNA/pUC19) についてはFERM BP-5629、Escherichia coli JM109 (hMBC1Lqλ/pUC19) についてはFERM BP-5630としてブダペスト条約に基づき国際寄託されている。

15 (5) COS-7細胞へのトランスフェクション

ハイブリッド抗体およびヒト型化#23-57-137-1抗体の抗原結合活性および中和活性を評価するため、前記発現プラスミドをCOS-7細胞で一過性に発現させた。

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

すなわちL鎖ハイブリッド抗体の一過性発現では、プラスミドhMBC1HcDNA/pCOS1とh/mMBC1L(λ)/neo、hMBC1HcDNA/pCOS1とm/hMBC1La λ /neo、hMBC1HcDNA/pCOS1とm/hMBC1Ld λ /neo、hMBC1HcDNA/pCOS1とhmmMBC1L(λ)/neo、またはhMBC1HcDNA/pCOS1とmhmMBC1L(λ)/neoとの組み合わせを、Gene Pulser装置(Bio Rad)を用いてエレクトロポレーションによりCOS-7細胞に同時形質導入した。PBS(-)中に 1×10^7 細胞/mlの細胞濃度で懸濁されているCOS-7細胞0.8mlに、各プラスミドDNA $10 \mu\text{g}$ を加え、1,500V、 $25 \mu\text{F}$ の静電容量にてパルスを与えた。室温にて10分間の回復期間の後、エレクトロポレーション処理された細胞を2%のUltra Low IgGウシ胎児血清(GIBCO)を含有するDMEM培養液(GIBCO)に懸濁し、10cm培養皿を用いてCO₂ インキュベーターにて培養した。72時間の培養の後、培養上清を集め、遠心分離により細胞破片を除去し、ELISAの試料に供した。

ヒト型化#23-57-137-1抗体の一過性発現では、プラスミドhMBC1HcDNA/pCOS1とhMBC1Lx λ /pCOS1(x=a~t)のいずれかの組み合わせをGene Pulser装置(Bio Rad)を用いて、前記ハイブリッド抗体の場合と同様の方法によりCOS-7細胞にトランスフェクションし、得られた培養上清をELISAに供した。

また、COS-7細胞の培養上清からのハイブリッド抗体またはヒト型化抗体の精製は、AffiGel Protein A MAPSIIキット(BioRad)を用いて、キット添付の処方に従って行った。

20 (6) ELISA

(i) 抗体濃度の測定

抗体濃度測定のためのELISAプレートを次のようにして調製した。ELISA用96穴プレート(Maxisorp, NUNC)の各穴を固相化バッファー(0.1M NaHCO₃、0.02% NaN₃)で $1 \mu\text{g/ml}$ の濃度に調製したヤギ抗ヒトIgG抗体(TAG0)100 μl で固相化し、200 μl の希釈バッファー(50mM Tris-HCl、1mM MgCl₂、0.1M NaCl、0.05% Tween20、0.02% NaN₃、1% 牛血清アルブミン(BSA)、pH7.2)でブロッキングの後、ハイブリッド抗体またはヒト型化抗体を発現させたCOS-7細胞の培養上清あるいは精製ハイブリッド抗体またはヒト型化抗体を段階希釈して各穴に加えた。1時

間室温にてインキュベートしPBS-Tween20で洗浄後、アルカリフォスファターゼ結合ヤギ抗ヒトIgG抗体 (TAG0) 100 μ lを加えた。1時間室温にてインキュベートしPBS-Tween20で洗浄の後、1mg/mlの基質溶液 (Sigma104、p-ニトロフェニルリン酸、SIGMA) を加え、次に405nmでの吸光度をマイクロプレートリーダー (Bio Rad) で測定した。濃度測定のスランダーとして、Hu IgG1 λ Purified (The Binding Site) を用いた。

(ii) 抗原結合能の測定

抗原結合測定のためのELISAプレートを、次のようにして調製した。ELISA用96穴プレートの各穴を固相化バッファーで1 μ g/mlの濃度に調製したヒトPTHrP (1-34) 100 μ lで固相化した。200 μ lの希釈バッファーでブロッキングの後、ハイブリッド抗体またはヒト型化抗体を発現させたCOS-7細胞の培養上清あるいは精製ハイブリッド抗体またはヒト型化抗体を段階希釈して各穴に加えた。室温にてインキュベートしPBS-Tween20で洗浄後、アルカリフォスファターゼ結合ヤギ抗ヒトIgG抗体 (TAG0) 100 μ lを加えた。室温にてインキュベートしPBS-Tween20で洗浄の後、1 mg/mlの基質溶液 (Sigma104、p-ニトロフェニルリン酸、SIGMA) を加え、次に405nmでの吸光度をマイクロプレートリーダー (Bio Rad) で測定した。

(7) 活性確認

(i) ヒト型化H鎖の評価

ヒト型化H鎖バージョン" a "とキメラL鎖を組み合わせた抗体は、キメラ抗体とPTHrP結合能が同等であった。この結果は、H鎖V領域のヒト型化はバージョン" a "で十分なことを示す。以下、ヒト型化H鎖バージョン" a "をヒト型化抗体のH鎖として供した。

(ii) ハイブリッド抗体の活性

(ii-a) FR1, 2/FR3, 4ハイブリッド抗体

L鎖がh/mMBC1L (λ) の場合、活性は全く認められなかったが、m/hMBC1La λ あるいはm/hMBC1Ld λ の場合はいずれもキメラ#23-57-137-1抗体と同等の結合活性を示した。これらの結果は、FR3, 4はヒト型化抗体として問題ないが、FR1, 2内に

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

置換すべきアミノ酸残基が存在することを示唆する。

(ii-b) FR1/FR2ハイブリッド抗体

L鎖がhmmMBC1L(λ)の場合、活性は全く認められなかったが、hmmMBC1L(λ)の場合はキメラ#23-57-137-1抗体と同等の結合活性を示した。これらの結果は、FR
5 1, 2のうちFR1はヒト型化抗体として問題ないが、FR2内に置換すべきアミノ酸残基が存在することを示唆する。

(iii) ヒト型化抗体の活性

L鎖としてバージョン" a " から" t " の各々一つを用いたヒト型化抗体について、抗原結合活性を測定した。その結果、L鎖バージョン" j " 、" l " 、"
10 m " 、" o " 、" q " 、" r " 、" s " 、" t " を有するヒト型化抗体はキメラ抗体と同等のP T H r P結合能を示した。

(8) CHO安定産生細胞株の樹立

ヒト型化抗体の安定産生細胞株を樹立するため、前記発現プラスミドをCHO細胞
15 胞(DXB11)に導入した。

すなわちヒト型化抗体の安定産生細胞株樹立は、CHO細胞用発現プラスミドhMBC1HcDNA/pCH01とhMBC1Lmλ/pCOS1またはhMBC1HcDNA/pCH01とhMBC1Lqλ/pCOS1あるいはhMBC1HcDNA/pCH01とhMBC1Lrλ/pCOS1の組み合わせで、Gene Pulser装置(Bio Rad)を用いてエレクトロポレーションによりCHO細胞に同時形質導入した。
20 それぞれの発現ベクターを制限酵素PvuIで切断して直鎖DNAにし、フェノールおよびクロロホルム抽出後、エタノール沈殿でDNAを回収し、エレクトロポレーションに用いた。PBS (-) 中に 1×10^7 細胞/mlの細胞濃度で懸濁されているCHO細胞0.8mlに、各プラスミドDNA 10 μgを加え、1,500V, 25 μFの静電容量にてパルスを与えた。室温にて10分間の回復期間の後、エレクトロポレーション処理された細胞を10%ウシ胎児血清(GIBCO)添加、MEM-α培地(GIBCO)に懸濁し、96穴プレート(Falcon)を用いてCO₂ インキュベーターにて培養した。培養開始翌日に、10%ウシ胎児血清(GIBCO)および500mg/mlのGENETICIN (G418 Sulfate, GIBCO) 添加、リボヌクレオシドおよびデオキシリボヌクレオシド不含MEM-α培地(GIBCO)の選
25

樹立した抗体の安定産生細胞株の培養を拡大し、ローラーボトルにて2%のUltra Low IgGウシ胎児血清添加、リボヌクレオシドおよびデオキシリボヌクレオシド不含MEM- α 培地を用いて、大量培養を行った。培養3ないし4日目に培養上清を回収し、0.2 μ mのフィルター（Millipore）により細胞破片を除去した。CHO細胞の培養上清からのヒト型化抗体の精製は、POROSプロテインAカラム（PerSeptive Biosystems）を用いて、ConSep LC100（Millipore）にて添付の処方に従って行い、中和活性の測定および高カルシウム血症モデル動物での薬効試験に供した。得られた精製ヒト型化抗体の濃度および抗原結合活性は、上記ELISA系にて測定した。

〔参考例 5〕 中和活性の測定

マウス抗体、キメラ抗体およびヒト型化抗体の中和活性の測定は、ラット骨肉腫細胞株ROS17/2.8-5細胞を用いて行った。すなわち、ROS17/2.8-5細胞を、10%牛胎児血清 (GIBCO) を含むHam' S F-12培地 (GIBCO) 中にて、CO₂ インキュベーターで培養した。ROS17/2.8-5細胞を96穴プレートに10⁴ 細胞/100 μl/穴で蒔込み1日間培養し、4mMのHydrocortisoneと10%牛胎児血清を含むHam' S F-12培地 (GIBCO) に交換する。さらに3ないし4日間培養した後、260 μlのHam' S F-12培地 (GIBCO) にて洗浄し、1 mMのイソブチル-1-メチル キサンチン (IBMX、SIGMA) および10%の牛胎児血清と10mMのHEPESを含む80 μlのHam' s F-12を加え、30分間37℃でインキュベートした。

中和活性を測定するマウス抗体、キメラ抗体またはヒト型化抗体を、あらかじめ10 μ g/ml、3.3 μ g/ml、1.1 μ g/mlおよび0.37 μ g/mlの群、10 μ g/ml、2 μ g/ml、0.5 μ g/mlおよび0.01 μ g/mlの群、または10 μ g/ml、5 μ g/ml、1.25 μ g/ml、0.63 μ g/mlおよび0.31 μ g/mlの群に段階希釈し、4ng/mlに調製したPTHrP (1-34) と等量混合し、各抗体とPTHrP (1-34) の混合液80 μ lを各穴に添加した。各抗体の最終

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

濃度は上記抗体濃度の4分の1になり、PTHrP (1-34) の濃度は1 ng/mlになる。10分間室温にて処理した後、培養上清を捨て、PBSにて3回洗浄したした後、100 μ lの0.3%塩酸95%エタノールにて細胞内のcAMPを抽出する。水流アスピレーターにて塩酸エタノールを蒸発させ、cAMP EIA kit (CAYMAN CHEMICAL'S) 付属のEIA

5 バッファー120 μ lを添加しcAMPを抽出後、cAMP EIA kit (CAYMAN CHEMICAL'S) 添付の処方に従ってcAMPを測定した。その結果、キメラ抗体と同等の抗原結合を有するL鎖バージョンのうち、91位のチロシンをイソロイシンに置換したバージョン"q"、"r"、"s"、"t"を有するヒト型化抗体がキメラ抗体に近い中和能を示し、その中でも、バージョン"q"がもっとも強い中和能を示した。

10

配列表フリーテキスト

配列番号 1 : 合成DNA

配列番号 2 : 合成DNA

配列番号 3 : 合成DNA

15 配列番号 4 : 合成DNA

配列番号 5 : 合成DNA

配列番号 6 : 合成DNA

配列番号 7 : 合成DNA

配列番号 8 : 合成DNA

20 配列番号 9 : 合成DNA

配列番号10 : 合成DNA

配列番号11 : 合成DNA

配列番号12 : 合成DNA

配列番号13 : 合成DNA

25 配列番号14 : 合成DNA

配列番号15 : 合成DNA

配列番号16 : 合成DNA

配列番号17 : 合成DNA

配列番号18 : 合成DNA

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

配列番号19：合成DNA

配列番号20：合成DNA

配列番号21：合成DNA

配列番号22：合成DNA

5 配列番号23：合成DNA

配列番号24：合成DNA

配列番号25：合成DNA

配列番号26：合成DNA

配列番号27：合成DNA

10 配列番号28：合成DNA

配列番号29：合成DNA

配列番号30：合成DNA

配列番号31：合成DNA

配列番号32：合成DNA

15 配列番号33：合成DNA

配列番号34：合成DNA

配列番号35：合成DNA

配列番号36：合成DNA

配列番号37：合成DNA

20 配列番号38：合成DNA

配列番号39：合成DNA

配列番号40：合成DNA

配列番号41：合成DNA

配列番号42：合成DNA

25 配列番号43：合成DNA

配列番号44：合成DNA

本明細書で引用した全ての刊行物、特許及び特許出願をそのまま参考として本明細書に取り入れるものとする。

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

産業上の利用の可能性

本発明により、副甲状腺ホルモン関連ペプチドに対する抗体の安定化製剤が提供された。また、本発明により、疼痛緩和作用を有する注射製剤が提供された。

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

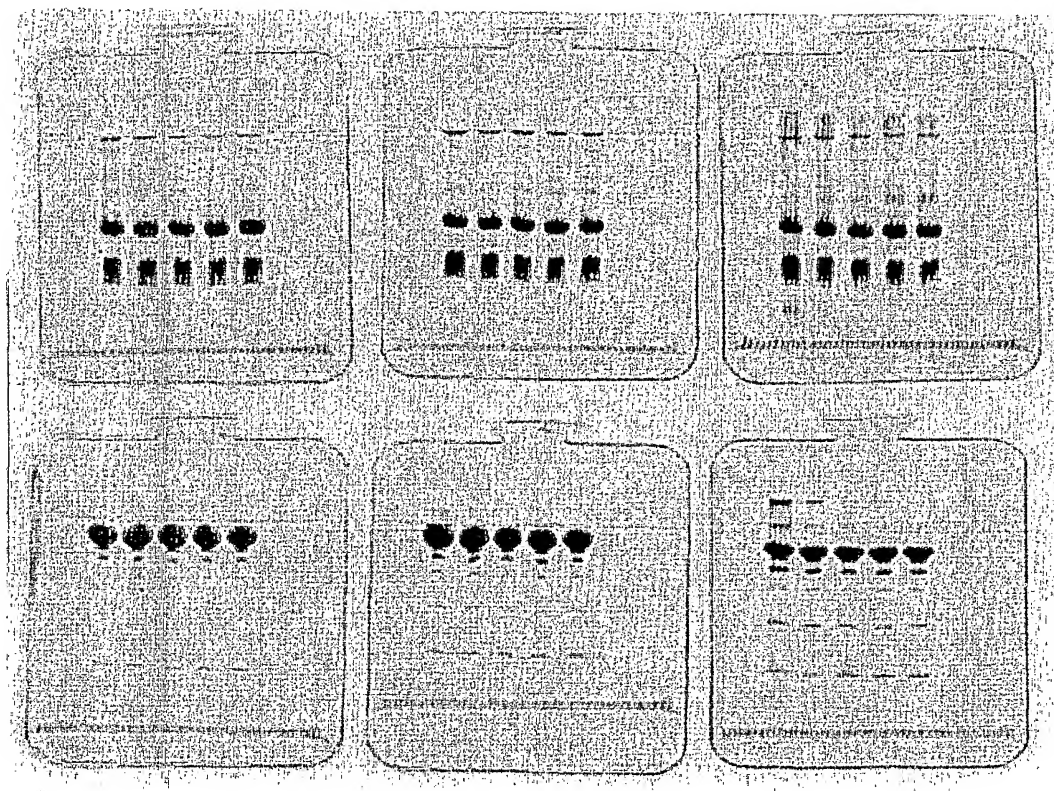
請 求 の 範 囲

1. 酢酸、クエン酸、リン酸およびそれらの塩からなる群より選択される少なくとも1種の緩衝剤を含む緩衝液中に副甲状腺ホルモン関連ペプチドに対する抗体が溶解して、pHが5～8の溶液の形態にある、副甲状腺ホルモン関連ペプチド
- 5 に対する抗体の安定化製剤。
2. 製剤中の緩衝剤の総濃度が0.1～100 mmol/Lである請求項1記載の製剤。
3. 製剤中の緩衝剤の総濃度が5～50 mmol/Lである請求項1記載の製剤。
4. 副甲状腺ホルモン関連ペプチドに対する抗体がモノクローナル抗体である請求項1～3のいずれかに記載の製剤。
- 10 5. 副甲状腺ホルモン関連ペプチドに対する抗体が、ヒト抗体、ヒト型化抗体またはキメラ抗体である請求項4記載の製剤。
6. 酢酸、クエン酸、リン酸およびそれらの塩からなる群より選択される少なくとも1種の緩衝剤を含む緩衝液中に副甲状腺ホルモン関連ペプチドに対する抗体が溶解して、pHが5～8の溶液の形態にある、安定化された副甲状腺ホルモン
- 15 関連ペプチドに対する抗体溶液組成物。
7. 抗体溶液組成物がバルク用の溶液組成物である請求項6記載の抗体溶液組成物。
8. 緩衝剤及び等張化剤以外に、実質的に他の安定化剤を含まない請求項7記載の抗体溶液組成物。
- 20 9. 酢酸及び/又はその塩からなる緩衝剤を含む緩衝液中に副甲状腺ホルモン関連ペプチドに対する抗体が溶解してなる注射製剤。
10. pHが5～8の溶液の形態にある請求項9記載の注射製剤。
11. 上記緩衝剤の総濃度が0.1～100 mmol/Lである請求項9記載の注射製剤。
12. 上記緩衝剤の総濃度が5～50 mmol/Lである請求項9記載の注射製剤。
- 25 13. 上記副甲状腺ホルモン関連ペプチドに対する抗体がモノクローナル抗体である請求項9～12いずれか一項記載の注射製剤。
14. 上記副甲状腺ホルモン関連ペプチドに対する抗体が、ヒト抗体、ヒト型化抗体またはキメラ抗体である請求項13記載の注射製剤。

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

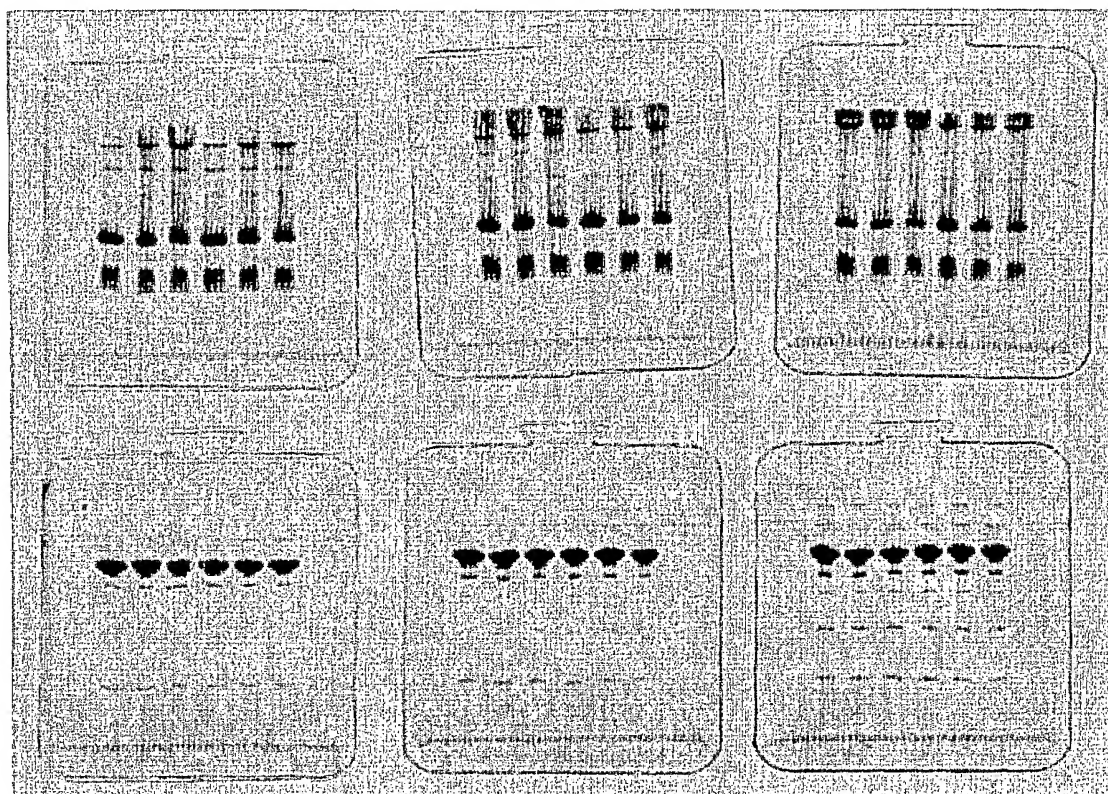
図 1



WO 01/47554

PCT/JP00/09339

図 2



WO 01/47554

PCT/JP00/09339

SEQUENCE LISTING

<110> CHUGAI SEIYAKU KABUSHIKI KAISHA

<120> Stable antibody compositions and injection

<130> PH-1093-PCT

<150> JP 11-375203

<151> 1999-12-28

<160> 75

<170> PatentIn Ver. 2.0

<210> 1

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 1

aaatagccct tgaccaggca

20

<210> 2

<211> 38

<212> DNA

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 2

ctggttcggc ccacctctga aggttccaga atcgatag

38

<210> 3

<211> 28

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 3

ggatcccggg ccagtggata gacagatg

28

<210> 4

<211> 29

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 4

ggatcccggg tcagrngaag gtggraaca

29

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<210> 5

<211> 17

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 5

gttttcccag tcacgac

17

<210> 6

<211> 17

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 6

caggaaacag ctatgac

17

<210> 7

<211> 31

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<223> Synthetic DNA

<400> 7

gtctaagctt ccacatgaa acttcgggct c 31

<210> 8

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 8

tgttggatcc ctgcagagac agtgaccaga 30

<210> 9

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 9

gtctgaattc aagcttccac catgggggtt gggctg 36

<210> 10

<211> 41

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 10

tttcccgggc ccttggtgga ggctgaggag acggtgacca g 41

<210> 11

<211> 109

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 11

gtctgaattc aagcttagta ctggccagc ccaaggccaa cccacggtc accctgttcc 60
cgccctcctc tgaggagctc caagccaaca aggccacact agtgtgtct 109

<210> 12

<211> 110

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<400> 12

ggtttgggtgg tctccactcc cgccttgaag gggctgcat ctgccttcca ggccactgtc 60
acagctcccg ggtagaagtc actgacaga cacactagtg tggccttggt 110

<210> 13

<211> 98

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 13

ggagtggaga ccaccaaacc ctccaaacag agcaacaaca agtacgcggc cagcagctac 60
ctgagcctga cgcccgagca gtggaagtcc cacagaag 98

<210> 14

<211> 106

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 14

tgttgaattc ttactatgaa cattctgtag gggccactgt ctctccacg gtgctccctt 60
catgcgtgac ctggcagctg tagcttctgt gggacttcca ctgctc 106

<210> 15

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<211> 43

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 15

gtctgaattc aagcttagta ctggccagc ccaaggccaa ccc

43

<210> 16

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 16

tgttgaattc ttactatgaa

20

<210> 17

<211> 39

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<400> 17

caacaagtac gcggccagca gctacctgag cctgacgcc

39

<210> 18

<211> 39

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 18

gtagctgctg gccgcgtact tgttggtgct ctgtttgga

39

<210> 19

<211> 46

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 19

gtctgaattc aagcttagtc ctaggtcgaa ctgtggctgc accatc

46

<210> 20

<211> 34

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 20

tgttgaattc ttactaacac tctcccctgt tgaa

34

<210> 21

<211> 35

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 21

gtctaagctt ccaccatggc ctggactcct ctctt

35

<210> 22

<211> 48

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 22

tgttgaattc agatctaact acttacctag gacagtgacc ttggc

48

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<210> 23

<211> 128

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 23

```
gtctaagctt ccaccatggg gtttgggctg agctggggtt tcctcgttgc tcttttaaga 60
gggtgtccagt gtcaggtgca gctgggtggag tctgggggag gcgtgggtcca gcctgggagg 120
tccctgag                                     128
```

<210> 24

<211> 125

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 24

```
accattagta gtggtggtag ttacacctac tatccagaca gtgtgaaggg gcgattcacc 60
atctccagag acaattccaa gaacacgctg tatctgcaaa tgaacagcct gagagctgag 120
gacac                                     125
```

<210> 25

<211> 132

<212> DNA

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 25

ctaccaccac tactaatggt tgccaccac tccagcccct tgcctggagc ctggcggacc 60
caagacatgc catagctact gaaggtgaat ccagaggctg cacaggagag tctcaggac 120
ctcccaggct gg 132

<210> 26

<211> 110

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 26

tgttggatcc ctgaggagac ggtgaccagg gttccctggc cccagtaagc aaagtaagtc 60
atagtagtct gtctcgaca gtaatacaca gccgtgtcct cagctctcag 110

<210> 27

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<400> 27

gtctaagctt ccacatggg gtttgggctg 30

<210> 28

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 28

tgttggatcc ctgaggagac ggtgaccagg 30

<210> 29

<211> 133

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 29

acaaagcttc caccatggcc tggactcctc tcttcttctt ctttgttctt cattgctcag 60
gttctttctc ccagcttgtg ctgactcaat cgccctctgc ctctgcctcc ctgggagcct 120
cgggtcaagct cac 133

<210> 30

WO 01/47554**PCT/JP00/09339**

<211> 118

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 30

agcaagatgg aagccacagc acaggtgatg ggattcctga tcgcttctca ggctccagct 60
ctggggctga gcgctacctc accatctcca gcctccagtc tgaggatgag gctgacta 118

<210> 31

<211> 128

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 31

ctgtggcttc catcttgctt aagtttcatc aagtaccgag ggcccttctc tggctgctgc 60
tgatgccatt caatgggtga cgtactgtgc tgactactca aggtgcaggt gagcttgacc 120
gaggctcc 128

<210> 32

<211> 114

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 32

cttggatccg ggctgacctt ggacggtcag ttggttcctt ccgccgaaca ccttcacaaa 60
ttgttcctta attgtatcac ccacaccaca gtaatagtca gcctcatcct caga 114

<210> 33

<211> 17

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 33

acaaagcttc caccatg 17

<210> 34

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 34

cttggatccg ggctgacct 19

WO 01/47554**PCT/JP00/09339**

<210> 35

<211> 75

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 35

cttggatccg ggctgacctt ggacggtcag ttggttcct ccgccgaaca cgtacacaaa 60
ttgttcctta attgt 75

<210> 36

<211> 43

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 36

aaaggatcct taagatccat caagtaccga gggggcttct ctg 43

<210> 37

<211> 46

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<223> Synthetic DNA

<400> 37

acaaagctta gcgctacctc accatctcca gcctccagcc tgagga 46

<210> 38

<211> 111

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 38

cttggatccg ggctgacctt ggacggtcag ttggtccct ccgccgaaca cgtacacaaa 60
ttgttcctta attgtatcac ccacaccaca gatatagtcg gcctcatcct c 111

<210> 39

<211> 42

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 39

cttctctggc tgctgctgat accattcaat ggtgtacgta ct 42

<210> 40

WO 01/47554**PCT/JP00/09339**

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 40

cgagggccct tctctggctg ctgctg

26

<210> 41

<211> 35

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 41

gagaagggcc ctargtacst gatgrawctt aagca

35

<210> 42

<211> 35

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<400> 42

cacgaattca ctatcgattc tggaaccttc agagg

35

<210> 43

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 43

ggcttggagc tcctcaga

18

<210> 44

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Synthetic DNA

<400> 44

gacagtgggtt caaagttttt

20

<210> 45

<211> 118

<212> PRT

<213> Mus musculus

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<400> 45

Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Ser Ser Ala Ser Phe Ser Leu Gly Ala
1 5 10 15
Ser Ala Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser Thr Tyr Thr
20 25 30
Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Leu Lys Pro Pro Lys Tyr Val Met
35 40 45
Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp Gly Ile Pro Asp
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Asp Arg Tyr Leu Ser Ile Ser
65 70 75 80
Asn Ile Gln Pro Glu Asp Glu Ala Met Tyr Ile Cys Gly Val Gly Asp
85 90 95
Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val
100 105 110
Thr Val Leu Gly Gln Pro
115

<210> 46

<211> 118

<212> PRT

<213> Mus musculus

<400> 46

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Asp Leu Val Lys Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

Gly Met Ser Trp Ile Arg Gln Thr Pro Asp Lys Arg Leu Glu Trp Val
 35 40 45
 Ala Thr Ile Ser Ser Gly Gly Ser Tyr Thr Tyr Tyr Pro Asp Ser Val
 50 55 60
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr
 65 70 75 80
 Leu Gln Met Ser Ser Leu Lys Ser Glu Asp Thr Ala Met Phe Tyr Cys
 85 90 95
 Ala Arg Gln Thr Thr Met Thr Tyr Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr
 100 105 110
 Leu Val Thr Val Ser Ala
 115

<210> 47

<211> 116

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 47

Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ser Leu Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser Thr Tyr Thr
 20 25 30
 Ile Glu Trp His Gln Gln Gln Pro Glu Lys Gly Pro Arg Tyr Leu Met
 35 40 45
 Lys Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp Gly Ile Pro Asp
 50 55 60
 Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg Tyr Leu Thr Ile Ser
 65 70 75 80

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Val Gly Asp
 85 90 95
 Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu
 100 105 110
 Thr Val Leu Gly
 115

<210> 48

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 48

Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ser Leu Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser Thr Tyr Thr
 20 25 30
 Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu Lys Gly Pro Lys Tyr Leu Met
 35 40 45
 Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp Gly Ile Pro Asp
 50 55 60
 Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg Tyr Leu Thr Ile Ser
 65 70 75 80
 Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Val Gly Asp
 85 90 95
 Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu
 100 105 110
 Thr Val Leu Gly Gln Pro

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

115

<210> 49

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 49

Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ser Leu Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser Thr Tyr Thr
20 25 30
Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu Lys Gly Pro Lys Tyr Val Met
35 40 45
Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp Gly Ile Pro Asp
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg Tyr Leu Thr Ile Ser
65 70 75 80
Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Val Gly Asp
85 90 95
Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu
100 105 110
Thr Val Leu Gly Gln Pro
115

<210> 50

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<400> 50

Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ser Leu Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser Thr Tyr Thr
20 25 30
Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu Lys Gly Pro Arg Tyr Leu Met
35 40 45
Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp Gly Ile Pro Asp
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg Tyr Leu Thr Ile Ser
65 70 75 80
Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Val Gly Asp
85 90 95
Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu
100 105 110
Thr Val Leu Gly Gln Pro
115

<210> 51

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 51

Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ser Leu Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser Thr Tyr Thr
20 25 30

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu Lys Gly Pro Arg Tyr Val Met
 35 40 45
 Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp Gly Ile Pro Asp
 50 55 60
 Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg Tyr Leu Thr Ile Ser
 65 70 75 80
 Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly Val Gly Asp
 85 90 95
 Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu
 100 105 110
 Thr Val Leu Gly Gln Pro
 115

<210> 52

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 52

Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ser Leu Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser Thr Tyr Thr
 20 25 30
 Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu Lys Gly Pro Lys Tyr Leu Met
 35 40 45
 Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp Gly Ile Pro Asp
 50 55 60
 Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg Tyr Leu Thr Ile Ser
 65 70 75 80

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Ile Cys Gly Val Gly Asp
85 90 95
Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu
100 105 110
Thr Val Leu Gly Gln Pro
115

<210> 53

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 53

Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ser Leu Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser Thr Tyr Thr
20 25 30
Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu Lys Gly Pro Arg Tyr Leu Met
35 40 45
Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp Gly Ile Pro Asp
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg Tyr Leu Thr Ile Ser
65 70 75 80
Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Ile Cys Gly Val Gly Asp
85 90 95
Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu
100 105 110
Thr Val Leu Gly Gln Pro
115

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<210> 54

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 54

Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ser Leu Gly Ala
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser Thr Tyr Thr
 20 25 30
 Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu Lys Gly Pro Lys Tyr Val Met
 35 40 45
 Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp Gly Ile Pro Asp
 50 55 60
 Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg Tyr Leu Thr Ile Ser
 65 70 75 80
 Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Ile Cys Gly Val Gly Asp
 85 90 95
 Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu
 100 105 110
 Thr Val Leu Gly Gln Pro
 115

<210> 55

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<400> 55

Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ser Leu Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser Thr Tyr Thr
20 25 30
Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu Lys Gly Pro Arg Tyr Val Met
35 40 45
Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp Gly Ile Pro Asp
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg Tyr Leu Thr Ile Ser
65 70 75 80
Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Ile Cys Gly Val Gly Asp
85 90 95
Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu
100 105 110
Thr Val Leu Gly Gln Pro
115

<210> 56

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 56

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

35	40	45
Ala Thr Ile Ser Ser Gly Gly Ser Tyr Thr Tyr Tyr Pro Asp Ser Val		
50	55	60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr		
65	70	75
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys		
85	90	95
Ala Arg Gln Thr Thr Met Thr Tyr Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr		
100	105	110
Leu Val Thr Val Ser Ser		
115		

<210> 57

<211> 411

<212> DNA

<213> Mus musculus

<220>

<221> CDS

<222> (1).. (411)

<220>

<221> mat_peptide

<222> (58).. (411)

<400> 57

atg aac ttc ggg ctc agc ttg att ttc ctt gcc ctc att tta aaa ggt	48
Met Asn Phe Gly Leu Ser Leu Ile Phe Leu Ala Leu Ile Leu Lys Gly	

-15

-10

-5

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

```

gtc cag tgt gag gtg caa ctg gtg gag tct ggg gga gac tta gtg aag      96
Val Gln Cys Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Asp Leu Val Lys
      -1   1               5               10
cct gga ggg tcc ctg aaa ctc tcc tgt gca gcc tct gga ttc act ttc      144
Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe
      15               20               25
agt agc tat ggc atg tct tgg att cgc cag act cca gac aag agg ctg      192
Ser Ser Tyr Gly Met Ser Trp Ile Arg Gln Thr Pro Asp Lys Arg Leu
      30               35               40               45
gag tgg gtc gca acc att agt agt ggt ggt agt tac acc tac tat cca      240
Glu Trp Val Ala Thr Ile Ser Ser Gly Gly Ser Tyr Thr Tyr Tyr Pro
              50               55               60
gac agt gtg aag ggg cga ttc acc atc tcc aga gac aat gcc aag aac      288
Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn
              65               70               75
acc cta tac ctg caa atg agc agt ctg aag tct gag gac aca gcc atg      336
Thr Leu Tyr Leu Gln Met Ser Ser Leu Lys Ser Glu Asp Thr Ala Met
              80               85               90
ttt tac tgt gca aga cag act act atg act tac ttt gct tac tgg ggc      384
Phe Tyr Cys Ala Arg Gln Thr Thr Met Thr Tyr Phe Ala Tyr Trp Gly
              95               100               105
caa ggg act ctg gtc act gtc tct gca                                411
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ala
110                          115

```

<210> 58

<211> 411

<212> DNA

<213> Homo sapiens

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<220>

<221> CDS

<222> (1).. (411)

<220>

<221> mat_peptide

<222> (58).. (411)

<400> 58

```

atg ggg ttt ggg ctg agc tgg gtt ttc ctc gtt gct ctt tta aga ggt      48
Met Gly Phe Gly Leu Ser Trp Val Phe Leu Val Ala Leu Leu Arg Gly
          -15                -10                -5

gtc cag tgt cag gtg cag ctg gtg gag tct ggg gga ggc gtg gtc cag      96
Val Gln Cys Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln
          -1   1                5                10

cct ggg agg tcc ctg aga ctc tcc tgt gca gcc tct gga ttc acc ttc      144
Pro Gly Arg Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe
          15                20                25

agt agc tat ggc atg tct tgg gtc cgc cag gct cca ggc aag ggg ctg      192
Ser Ser Tyr Gly Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu
          30                35                40                45

gag tgg gtg gca acc att agt agt ggt ggt agt tac acc tac tat cca      240
Glu Trp Val Ala Thr Ile Ser Ser Gly Gly Ser Tyr Thr Tyr Tyr Pro
          50                55                60

gac agt gtg aag ggg cga ttc acc atc tcc aga gac aat tcc aag aac      288
Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn
          65                70                75

acg ctg tat ctg caa atg aac agc ctg aga gct gag gac acg gct gtg      336

```

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val
80 85 90
tat tac tgt gcg aga cag act act atg act tac ttt gct tac tgg ggc 384
Tyr Tyr Cys Ala Arg Gln Thr Thr Met Thr Tyr Phe Ala Tyr Trp Gly
95 100 105
cag gga acc ctg gtc acc gtc tcc tca 411
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
110 115

<210> 59

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 59

Lys Ala Ser Gln Asp Val Asn Thr Ala Val Ala
1 5 10

<210> 60

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 60

Ser Ala Ser Asn Arg Tyr Thr
1 5

<210> 61

<211> 9

WO 01/47554**PCT/JP00/09339**

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 61

Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr

1

5

<210> 62

<211> 5

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 62

Pro Tyr Trp Met Gln

1

5

<210> 63

<211> 16

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 63

Ser Ile Phe Gly Asp Gly Asp Thr Arg Tyr Ser Gln Lys Phe Lys Gly

1

5

10

15

<210> 64

<211> 11

<212> PRT

<213> Homo sapiens

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<400> 64

Gly Leu Arg Arg Gly Gly Tyr Tyr Phe Asp Tyr

1

5

10

<210> 65

<211> 411

<212> DNA

<213> Mus musculus

<220>

<221> CDS

<222> (1).. (411)

<220>

<221> mat_peptide

<222> (58).. (411)

<400> 65

atg gcc tgg act cct ctc ttc ttc ttc ttt gtt ctt cat tgc tca ggt 48

Met Ala Trp Thr Pro Leu Phe Phe Phe Phe Val Leu His Cys Ser Gly

-15

-10

-5

tct ttc tcc caa ctt gtg ctc act cag tca tct tca gcc tct ttc tcc 96

Ser Phe Ser Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Ser Ser Ala Ser Phe Ser

-1 1

5

10

ctg gga gcc tca gca aaa ctc acg tgc acc ttg agt agt cag cac agt 144

Leu Gly Ala Ser Ala Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser

15

20

25

acg tac acc att gaa tgg tat cag caa cag cca ctc aag cct cct aag 192

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

```

Thr Tyr Thr Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Leu Lys Pro Pro Lys
 30                      35                      40                      45
tat gtg atg gat ctt aag caa gat gga agc cac agc aca ggt gat ggg   240
Tyr Val Met Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp Gly
                      50                      55                      60
att cct gat cgc ttc tct gga tcc agc tct ggt gct gat cgc tac ctt   288
Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Asp Arg Tyr Leu
                      65                      70                      75
agc att tcc aac atc cag cca gaa gat gaa gca atg tac atc tgt ggt   336
Ser Ile Ser Asn Ile Gln Pro Glu Asp Glu Ala Met Tyr Ile Cys Gly
                      80                      85                      90
gtg ggt gat aca att aag gaa caa ttt gtg tat gtt ttc ggc ggt ggg   384
Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly
                      95                      100                      105
acc aag gtc act gtc cta ggt cag ccc                               411
Thr Lys Val Thr Val Leu Gly Gln Pro
110                      115

```

<210> 66

<211> 411

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1).. (411)

<220>

<221> mat_peptide

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<222> (58).. (411)

<400> 66

```

atg gcc tgg act cct ctc ttc ttc ttc ttt gtt ctt cat tgc tca ggt  48
Met Ala Trp Thr Pro Leu Phe Phe Phe Phe Val Leu His Cys Ser Gly
          -15                      -10                      -5

tct ttc tcc cag ctt gtg ctg act caa tcg ccc tct gcc tct gcc tcc  96
Ser Phe Ser Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ser
          -1   1                      5                      10

ctg gga gcc tcg gtc aag ctc acc tgc acc ttg agt agt cag cac agt  144
Leu Gly Ala Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser
          15                      20                      25

acg tac acc att gaa tgg cat cag cag cag cca gag aag ggc cct cgg  192
Thr Tyr Thr Ile Glu Trp His Gln Gln Gln Pro Glu Lys Gly Pro Arg
          30                      35                      40                      45

tac ttg atg aaa ctt aag caa gat gga agc cac agc aca ggt gat ggg  240
Tyr Leu Met Lys Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp Gly
          50                      55                      60

att cct gat cgc ttc tca ggc tcc agc tct ggg gct gag cgc tac ctc  288
Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg Tyr Leu
          65                      70                      75

acc atc tcc agc ctc cag tct gag gat gag gct gac tat tac tgt ggt  336
Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly
          80                      85                      90

gtg ggt gat aca att aag gaa caa ttt gtg tac gtg ttc ggc gga ggg  384
Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly
          95                      100                      105

acc aaa ctg acc gtc cta ggt cag ccc  411
Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro

```

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

110

115

<210> 67

<211> 411

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1).. (411)

<220>

<221> mat_peptide

<222> (58).. (411)

<400> 67

```
atg gcc tgg act cct ctc ttc ttc ttc ttt gtt ctt cat tgc tca ggt 48
Met Ala Trp Thr Pro Leu Phe Phe Phe Phe Val Leu His Cys Ser Gly
          -15          -10          -5
tct ttc tcc cag ctt gtg ctg act caa tgc ccc tct gcc tct gcc tcc 96
Ser Phe Ser Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ser
          -1    1          5          10
ctg gga gcc tgc gtc aag ctc acc tgc acc ttg agt agt cag cac agt 144
Leu Gly Ala Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser
          15          20          25
acg tac acc att gaa tgg tat cag cag cag cca gag aag ggc cct aag 192
Thr Tyr Thr Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu Lys Gly Pro Lys
          30          35          40          45
tac ctg atg gat ctt aag caa gat gga agc cac agc aca ggt gat ggg 240
```

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

Tyr Leu Met Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp Gly
50 55 60
att cct gat cgc ttc tca ggc tcc agc tct ggg gct gag cgc tac ctc 288
Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg Tyr Leu
65 70 75
acc atc tcc agc ctc cag tct gag gat gag gct gac tat tac tgt ggt 336
Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly
80 85 90
gtg ggt gat aca att aag gaa caa ttt gtg tac gtg ttc ggc gga ggg 384
Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly
95 100 105
acc aaa ctg acc gtc cta ggc cag ccc 411
Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro
110 115

<210> 68

<211> 411

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1).. (411)

<220>

<221> mat_peptide

<222> (58).. (411)

<400> 68

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

```

atg gcc tgg act cct ctc ttc ttc ttc ttt gtt ctt cat tgc tca ggt 48
Met Ala Trp Thr Pro Leu Phe Phe Phe Phe Val Leu His Cys Ser Gly
          -15          -10          -5

tct ttc tcc cag ctt gtg ctg act caa tcg ccc tct gcc tct gcc tcc 96
Ser Phe Ser Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ser
      -1   1          5          10

ctg gga gcc tcg gtc aag ctc acc tgc acc ttg agt agt cag cac agt 144
Leu Gly Ala Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser
      15          20          25

acg tac acc att gaa tgg tat cag cag cag cca gag aag ggc cct aag 192
Thr Tyr Thr Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu Lys Gly Pro Lys
      30          35          40          45

tac gtg atg gat ctt aag caa gat gga agc cac agc aca ggt gat ggg 240
Tyr Val Met Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp Gly
          50          55          60

att cct gat cgc ttc tca ggc tcc agc tct ggg gct gag cgc tac ctc 288
Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg Tyr Leu
          65          70          75

acc atc tcc agc ctc cag tct gag gat gag gct gac tat tac tgt ggt 336
Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly
          80          85          90

gtg ggt gat aca att aag gaa caa ttt gtg tac gtg ttc ggc gga ggg 384
Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly
          95          100          105

acc aaa ctg acc gtc cta ggc cag ccc 411
Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro
110          115

```

<210> 69

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<211> 411

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1).. (411)

<220>

<221> mat_peptide

<222> (58).. (411)

<400> 69

atg gcc tgg act cct ctc ttc ttc ttc ttt gtt ctt cat tgc tca ggt 48

Met Ala Trp Thr Pro Leu Phe Phe Phe Phe Val Leu His Cys Ser Gly

-15 -10 -5

tct ttc tcc cag ctt gtg ctg act caa tgc ccc tct gcc tct gcc tcc 96

Ser Phe Ser Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ser

-1 1 5 10

ctg gga gcc tgc gtc aag ctc acc tgc acc ttg agt agt cag cac agt 144

Leu Gly Ala Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser

15 20 25

acg tac acc att gaa tgg tat cag cag cag cca gag aag ggc cct agg 192

Thr Tyr Thr Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu Lys Gly Pro Arg

30 35 40 45

tac ctg atg gat ctt aag caa gat gga agc cac agc aca ggt gat ggg 240

Tyr Leu Met Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp Gly

50 55 60

att cct gat cgc ttc tca ggc tcc agc tct ggg gct gag cgc tac ctc 288

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg Tyr Leu
65 70 75
acc atc tcc agc ctc cag tct gag gat gag gct gac tat tac tgt ggt 336
Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gly
80 85 90
gtg ggt gat aca att aag gaa caa ttt gtg tac gtg ttc ggc gga ggg 384
Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly
95 100 105
acc aaa ctg acc gtc cta ggc cag ccc 411
Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro
110 115

<210> 70

<211> 411

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1).. (411)

<220>

<221> mat_peptide

<222> (58).. (411)

<400> 70

atg gcc tgg act cct ctc ttc ttc ttc ttt gtt ctt cat tgc tca ggt 48
Met Ala Trp Thr Pro Leu Phe Phe Phe Phe Val Leu His Cys Ser Gly
-15 -10 -5

PCT/JP00/09339

41/48

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<220>

<221> CDS

<222> (1).. (411)

<220>

<221> mat_peptide

<222> (58).. (411)

<400> 71

atg gcc tgg act cct ctc ttc ttc ttc ttt gtt ctt cat tgc tca ggt	48
Met Ala Trp Thr Pro Leu Phe Phe Phe Phe Val Leu His Cys Ser Gly	
-15 -10 -5	
tct ttc tcc cag ctt gtg ctg act caa tgc ccc tct gcc tct gcc tcc	96
Ser Phe Ser Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ser	
-1 1 5 10	
ctg gga gcc tgc gtc aag ctc acc tgc acc ttg agt agt cag cac agt	144
Leu Gly Ala Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser	
15 20 25	
acg tac acc att gaa tgg tat cag cag cag cca gag aag ggc cct aag	192
Thr Tyr Thr Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu Lys Gly Pro Lys	
30 35 40 45	
tac ctg atg gat ctt aag caa gat gga agc cac agc aca ggt gat ggg	240
Tyr Leu Met Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp Gly	
50 55 60	
att cct gat cgc ttc tca ggc tcc agc tct ggg gct gag cgc tac ctc	288
Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg Tyr Leu	
65 70 75	
acc atc tcc agc ctc cag tct gag gat gag gct gac tat atc tgt ggt	336

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Ile Cys Gly
 80 85 90
 gtg ggt gat aca att aag gaa caa ttt gtg tac gtg ttc ggc gga ggg 384
 Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly
 95 100 105
 acc aaa ctg acc gtc cta ggc cag ccc 411
 Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro
 110 115

<210> 72

<211> 411

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1).. (411)

<220>

<221> mat_peptide

<222> (58).. (411)

<400> 72

atg gcc tgg act cct ctc ttc ttc ttc ttt gtt ctt cat tgc tca ggt 48
 Met Ala Trp Thr Pro Leu Phe Phe Phe Phe Val Leu His Cys Ser Gly
 -15 -10 -5
 tct ttc tcc cag ctt gtg ctg act caa tcg ccc tct gcc tct gcc tcc 96
 Ser Phe Ser Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ser
 -1 1 5 10

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

```

ctg gga gcc tcg gtc aag ctc acc tgc acc ttg agt agt cag cac agt   144
Leu Gly Ala Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser
      15              20              25
acg tac acc att gaa tgg tat cag cag cag cca gag aag ggc cct agg   192
Thr Tyr Thr Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu Lys Gly Pro Arg
      30              35              40              45
tac ctg atg gat ctt aag caa gat gga agc cac agc aca ggt gat ggg   240
Tyr Leu Met Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp Gly
              50              55              60
att cct gat cgc ttc tca ggc tcc agc tct ggg gct gag cgc tac ctc   288
Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg Tyr Leu
              65              70              75
acc atc tcc agc ctc cag tct gag gat gag gct gac tat atc tgt ggt   336
Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Ile Cys Gly
              80              85              90
gtg ggt gat aca att aag gaa caa ttt gtg tac gtg ttc ggc gga ggg   384
Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly
              95              100              105
acc aaa ctg acc gtc cta ggc cag ccc                               411
Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro
110              115

```

<210> 73

<211> 411

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

<222> (1).. (411)

<220>

<221> mat_peptide

<222> (58).. (411)

<400> 73

```

atg gcc tgg act cct ctc ttc ttc ttc ttt gtt ctt cat tgc tca ggt      48
Met Ala Trp Thr Pro Leu Phe Phe Phe Phe Val Leu His Cys Ser Gly
          -15          -10          -5

tct ttc tcc cag ctt gtg ctg act caa tcg ccc tct gcc tct gcc tcc      96
Ser Phe Ser Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ser
          -1    1          5          10

ctg gga gcc tcg gtc aag ctc acc tgc acc ttg agt agt cag cac agt      144
Leu Gly Ala Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser
          15          20          25

acg tac acc att gaa tgg tat cag cag cag cca gag aag ggc cct aag      192
Thr Tyr Thr Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu Lys Gly Pro Lys
          30          35          40          45

tac gtg atg gat ctt aag caa gat gga agc cac agc aca ggt gat ggg      240
Tyr Val Met Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp Gly
          50          55          60

att cct gat cgc ttc tca ggc tcc agc tct ggg gct gag cgc tac ctc      288
Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg Tyr Leu
          65          70          75

acc atc tcc agc ctc cag tct gag gat gag gct gac tat atc tgt ggt      336
Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Ile Cys Gly
          80          85          90

gtg ggt gat aca att aag gaa caa ttt gtg tac gtg ttc ggc gga ggg      384

```

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly

95

100

105

acc aaa ctg acc gtc cta ggc cag ccc

411

Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro

110

115

<210> 74

<211> 411

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1).. (411)

<220>

<221> mat_peptide

<222> (58).. (411)

<400> 74

atg gcc tgg act cct ctc ttc ttc ttc ttt gtt ctt cat tgc tca ggt 48

Met Ala Trp Thr Pro Leu Phe Phe Phe Phe Val Leu His Cys Ser Gly

-15

-10

-5

tct ttc tcc cag ctt gtg ctg act caa tcg ccc tct gcc tct gcc tcc 96

Ser Phe Ser Gln Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ser

-1

1

5

10

ctg gga gcc tcg gtc aag ctc acc tgc acc ttg agt agt cag cac agt 144

Leu Gly Ala Ser Val Lys Leu Thr Cys Thr Leu Ser Ser Gln His Ser

15

20

25

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

```

acg tac acc att gaa tgg tat cag cag cag cca gag aag ggc cct agg      192
Thr Tyr Thr Ile Glu Trp Tyr Gln Gln Gln Pro Glu Lys Gly Pro Arg
   30                35                40                45
tac gtg atg gat ctt aag caa gat gga agc cac agc aca ggt gat ggg      240
Tyr Val Met Asp Leu Lys Gln Asp Gly Ser His Ser Thr Gly Asp Gly
                50                55                60
att cct gat cgc ttc tca ggc tcc agc tct ggg gct gag cgc tac ctc      288
Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser Ser Gly Ala Glu Arg Tyr Leu
                65                70                75
acc atc tcc agc ctc cag tct gag gat gag gct gac tat atc tgt ggt      336
Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Ile Cys Gly
                80                85                90
gtg ggt gat aca att aag gaa caa ttt gtg tac gtg ttc ggc gga ggg      384
Val Gly Asp Thr Ile Lys Glu Gln Phe Val Tyr Val Phe Gly Gly Gly
                95                100                105
acc aaa ctg acc gtc cta ggc cag ccc                                  411
Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro
110                115

```

<210> 75

<211> 34

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 75

```

Ala Val Ser Glu His Gln Leu Leu His Asp Lys Gly Lys Ser Ile Gln
   1                5                10                15
Asp Leu Arg Arg Arg Phe Phe Leu His His Leu Ile Ala Glu Ile His
                20                25                30

```

WO 01/47554

PCT/JP00/09339

Thr Ala

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP00/09339

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int. Cl⁷ A61K39/395, 9/08, 47/04, 47/12

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int. Cl⁷ A61K39/395-39/44, 9/00-9/08, 47/00-47/28

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

CAPLUS (STN), MEDLINE (STN), EMBASE (STN), BIOSIS (STN),
BIOTECHABS (STN), WPI (DIALOG)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	JP, 4-228089, A (Kanegafuchi Chem. Ind. Co., Ltd.), 18 August, 1992 (18.08.92),	1, 6
Y	Claims; example (Family: none)	2-5, 7-14
Y	WO, 89/11298, A1 (CENTOOR, INC.), 30 November, 1989 (30.11.89), Claims; page 7, line 22 to page 8, line 2; example & JP, 3-504499, A Claims; page 3, lower left column, lines 16 to 23; example & EP, 417191, A	1-14
Y	WO, 89/11297, A1 (CENTOOR, INC.), 30 November, 1989 (30.11.89), Claims; example & JP, 3-504605, A Claims; example & EP, 417193, A	1-14
Y	WO, 96/22790, A1 (XENOTECH INCORPORATED), 01 August, 1996 (01.08.96), Claims; page 12, line 1 to page 17, line 27; page 28, line 14 to page 30, line 4	1-14

☒ Further documents are listed in the continuation of Box C.
 ☐ See patent family annex.

* Special categories of cited documents:	"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance	"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
"E" earlier document but published on or after the international filing date	"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art
"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)	"&" document member of the same patent family
"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means	
"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed	

Date of the actual completion of the international search 30 January, 2001 (30.01.01)	Date of mailing of the international search report 20 February, 2001 (20.02.01)
Name and mailing address of the ISA/ Japanese Patent Office	Authorized officer
Facsimile No.	Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP00/09339

C (Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
	& JP, 10-512885, A Claims; page 17, line 14 to page 22, line 1; page 31, line 5 to page 32, line 2 & AU, 9647645, A & US, 5626845, A & US, 5993817, A & EP, 813423, A1 & KR, 98701585, A	
Y	JP, 11-80025, A (Chugai Pharmaceutical Co., Ltd.), 23 March, 1999 (23.03.99), Claims; Par. Nos. [0002], [0062] & WO, 98/51329, & EP, 1004313, A1 & AU, 9872369, A & NO, 9905558, A	1-14
Y	WO, 00/00219, A1 (Chugai Pharmaceutical Co., Ltd.), 06 January, 2000 (06.01.00), Claims; page 2, lines 5 to 15; page 2, the last line to page 3, the last line; page 16, line 18 to page 17, line 21 & AU, 9942899, A	1-14
Y	WO, 98/13388, A1 (Chugai Pharmaceutical Co., Ltd.), 02 April, 1998 (02.04.98), Claims; page 1, line 18 to page 2, line 23; example & JP, 11-92500, A & EP, 962467, A1 & ZA, 9708590, A & AU, 9743972, A & NO, 9901449, A & CN, 1237983, A	1-14
Y	WO, 96/33735, A1 (CELL GENESYS, INC.), 31 October, 1996 (31.10.96), Claims; example 7 & JP, 11-505523, A Claims; example 7 & EP, 822830, A1 & AU, 9656322, A & KR, 99008096, A & US, 6075181, A	1-14
Y	WO, 96/39184, A1 (THE REGENTS OF THE UNIVERSITY OF CALIFORNIA), 12 December, 1996 (12.12.96), Claims; page 1, lines 17 to 26; page 11, lines 8 to 19 & US, 5660826, A & AU, 9658844, A	1-14
Y	SATO, K., et al., "Passive Immunization with Anti- Parathyroid Hormone-Related Protein Monoclonal Antibody Markedly Prolongs Survival Time of Hypercalcemic Nude Mice Bearing Transplanted Human PTHrP-Producing Tumors", J. Bone Miner. Res., 1993, 8(7), pp.849-860, ABSTRACT	1-14
PX	JP, 2000-80100, A (JAPAN TOBACCO INC.), 21 March, 2000 (21.03.00), Claims; Par. Nos. [0005], [0009], [0013], [0014], [0055], [0056]; example (Family: none)	1-8

国際調査報告

国際出願番号 PCT/JP00/09339

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC))

Int. Cl⁷ A 61 K 39 / 395, 9 / 08, 47 / 04, 47 / 12

B. 調査を行った分野

調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC))

Int. Cl⁷ A 61 K 39 / 395 - 39 / 44, 9 / 00 - 9 / 08, 47 / 00 - 47 / 28

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

国際調査で使用了電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語)

CAPLUS (STN), MEDLINE (STN), EMBASE (STN), BIOSIS (STN),
BIOTECHABS (STN), WPI (DIALOG)

C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
X	JP, 4-228089, A (鐘淵化学工業株式会社), 18. 8月. 1992 (18. 08. 92),	1, 6
Y	特許請求の範囲, 実施例 (ファミリーなし)	2-5, 7-14
Y	WO, 89 / 11298, A1 (CENTOOR, INC.), 30. 11月. 1989 (30. 11. 89), 特許請求の範囲, 第7頁22行-第8頁2行, 実施例, & JP, 3-504499, A, 特許請求の範囲, 第3頁左下欄16-23行, 実施例, & EP, 417191, A	1-14

☒ C欄の続きにも文献が列挙されている。☐ パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 引用文献のカテゴリー

「A」 特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの

「E」 国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの

「L」 優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す)

「O」 口頭による開示、使用、展示等に言及する文献

「P」 国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

の日の後に公表された文献

「T」 国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの

「X」 特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの

「Y」 特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの

「&」 同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日

30. 01. 01

国際調査報告の発送日

20.02.01

国際調査機関の名称及びあて先

日本国特許庁 (ISA/JP)

郵便番号100-8915

東京都千代田区霞が関三丁目4番3号

特許庁審査官 (権限のある職員)

今村 玲 英 子



4C

9736

電話番号 03-3581-1101 内線 3452

国際調査報告

国際出願番号 PCT/JPO0/09339

C (続き) . 関連すると認められる文献		
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
Y	WO, 89/11297, A1 (CENTOOR, INC.), 30. 11月. 1989 (30. 11. 89), 特許請求の範囲, 実施例, & JP, 3-504605, A, 特許請求の範囲, 実施例, & EP, 417193, A	1-14
Y	WO, 96/22790, A1 (XENOTECH INCORPORATED), 1. 8月. 1996 (01. 08. 96), 特許請求の範囲, 第12頁1行-第17頁27行, 第28頁14行-第30頁4行, & JP, 10-512885, A, 特許請求の範囲, 第17頁14行-第22頁1行, 第31 頁5行-第32頁2行, & AU, 9647645, A, & US, 5626845, A, & US, 5993817, A, & EP, 813423, A1, & KR, 98701585, A	1-14
Y	JP, 11-80025, A (中外製薬株式会社), 23. 3月. 1999 (23. 03. 99), 特許請求の範囲, 【0002】, 【0062】 & WO, 98/51329, & EP, 1004313, A1, & AU, 9872369, A, & NO, 9905558, A	1-14
Y	WO, 00/00219, A1 (中外製薬株式会社), 6. 1月. 2000 (06. 01. 00), 特許請求の範囲, 第2頁5-15行, 第2頁最下行-第3頁最下行, 第16頁18行-第17頁21行, & AU, 9942899, A	1-14
Y	WO, 98/13388, A1 (中外製薬株式会社), 2. 4月. 1998 (02. 04. 98), 特許請求の範囲, 第1頁18行-第2頁23行, 実施例, & JP, 11-92500, A, & EP, 962467, A1, & ZA, 9708590, A, & AU, 9743972, A, & NO, 9901449, A, & CN, 1237983, A	1-14
Y	WO, 96/33735, A1 (CELL GENESYS, INC.), 31. 10月. 1996 (31. 10. 96), 特許請求の範囲, 実施例7, & JP, 11-505523, A, 特許請求の範囲, 実施例7, & EP, 822830, A1, & AU, 9656322, A, & KR, 99008096, A, & US, 6075181, A	1-14
Y	WO, 96/39184, A1 (THE REGENTS OF THE UNIVERSITY OF CALIFORNIA), 12. 12月. 1996 (12. 12. 96), 特許請求の範囲, 第1頁17-26行, 第11頁8-19行, & US, 5660826, A, & AU, 9658844, A	1-14
Y	SATO, K., <i>et al.</i> , "Passive Immunization with Anti- Parathyroid Hormone-Related Protein Monoclonal Antibody Markedly Prolongs Survival Time of Hypercalcemic Nude Mice Bearing Transplanted Human PTHrP-Producing Tumors", J. Bone Miner. Res., 1993, 8(7), pp. 849-860, ABSTRACT	1-14

国際調査報告

国際出願番号 PCT/JP00/09339

C (続き) . 関連すると認められる文献		
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
P X	J P, 2000-80100, A (日本たばこ産業株式会社), 21. 3月. 2000 (21. 03. 00), 特許請求の範囲, 【0005】, 【0009】, 【0013】, 【0014】, 【0055】, 【0056】, 実施例 (ファミリーなし)	1-8